



## DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

<b>(51) Classification internationale des brevets <sup>6</sup> :</b> <b>C12Q 1/68</b>	<b>A1</b>	<b>(11) Numéro de publication internationale:</b> <b>WO 99/27132</b> <b>(43) Date de publication internationale:</b> 3 juin 1999 (03.06.99)
<b>(21) Numéro de la demande internationale:</b> PCT/FR98/02501 <b>(22) Date de dépôt international:</b> 23 novembre 1998 (23.11.98) <b>(30) Données relatives à la priorité:</b> 97/14669 21 novembre 1997 (21.11.97) FR <b>(71) Déposants (pour tous les Etats désignés sauf US):</b> CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE (CNRS) [FR/FR]; 3, rue Michel-Ange, F-75794 Paris Cedex 16 (FR). INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE (INRA) [FR/FR]; 147, rue de l'Université, F-75341 Paris Cedex 07 (FR). <b>(72) Inventeurs; et</b> <b>(75) Inventeurs/Déposants (US seulement):</b> ZOOROB, Rima [FR/FR]; 30, chemin de la Croix Biches, F-93160 Noisy-le-Grand (FR). AUFRAY, Charles [FR/FR]; 6, rue du Clos Bourgoin, F-94370 Sucy-en-Brie (FR). CHAUSSEE, Anne-Marie [FR/FR]; L'Aître Barbier, F-37380 Saint Laurent en Gatines (FR). <b>(74) Mandataires:</b> PEAUCELLE, Chantal etc.; Cabinet Armengaud Aîné, 3, avenue Bugeaud, F-75116 Paris (FR).		<b>(81) Etats désignés:</b> JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Publiée</b> <i>Avec rapport de recherche internationale.</i> <i>Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si des modifications sont reçues.</i>
<b>(54) Title:</b> REAGENTS AND METHODS FOR DETECTING GENES RELATED TO MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX OF DOMESTIC FOWL, SUCH AS CHICKEN <b>(54) Titre:</b> REACTIFS ET METHODES POUR LA DETECTION DE GENES LIES AU COMPLEXE MAJEUR D'HISTOCOMPATIBILITE D'OISEAUX D'ELEVAGE, TELS QUE LE POULET <b>(57) Abstract</b> <p>The invention concerns nucleic acid molecules for detecting the MHC genes involved in phenomena of resistance or proneness to the development of virus-induced tumours. The primers prepared from said molecules can be used in a method for genotyping domestic fowl, characterised in that it consists in: amplifying a nucleic acid sample derived from the animal under study using one or several pairs of primers capable of being specifically hybridised with the nucleic acid of a pleomorphic region of the Rfp-Y or B systems of the MHC of said fowl; detecting the resulting PCR products.</p> <b>(57) Abrégé</b> <p>L'invention vise des molécules d'acides nucléiques permettant de détecter ceux des gènes du CMH impliqués dans les phénomènes de résistance ou de susceptibilité au développement de tumeurs viro-induites. Les amorces élaborées à partir de ces molécules sont utilisables dans une méthode de génotypage d'oiseaux d'élevage et notamment du poulet, caractérisée en ce qu'elle comprend : l'amplification d'un échantillon d'acide nucléique provenant de l'animal à étudier à l'aide d'un ou de plusieurs couples d'amorces capables de s'hybrider spécifiquement avec l'acide nucléique d'une région polymorphe des systèmes Rfp-Y ou B du CMH desdits oiseaux et la détection des produits de PCR obtenus.</p>		

# **UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION**

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lituanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce		de Macédoine	TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	ML	Mali	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MN	Mongolie	UA	Ukraine
BR	Brésil	IL	Israël	MR	Mauritanie	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MW	Malawi	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	MX	Mexique	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NE	Niger	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NL	Pays-Bas	YU	Yougoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NO	Norvège	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire	NZ	Nouvelle-Zélande		
CM	Cameroun		démocratique de Corée	PL	Pologne		
CN	Chine	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CU	Cuba	KZ	Kazakhstan	RO	Roumanie		
CZ	République tchèque	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
DE	Allemagne	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DK	Danemark	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
EE	Estonie	LR	Libéria	SG	Singapour		

REACTIFS ET METHODES POUR LA DETECTION DE GENES  
LIES AU COMPLEXE MAJEUR D'HISTOCOMPATIBILITE D'OISEAUX  
D'ELEVAGE, TELS QUE LE POULET

5 L'invention a pour objet la détection de gènes  
liés au complexe majeur d'histocompatibilité (CMH)  
d'oiseaux d'élevage, tels que le poulet. A ce titre, elle  
concerne des molécules d'acides nucléiques permettant de  
détecter ceux des gènes du CMH impliqués dans les  
10 phénomènes de résistance ou de susceptibilité au  
développement de tumeurs viro-induites. L'invention  
concerne également les applications de ces molécules  
d'acides nucléiques, notamment pour le développement de  
tests de génotypage chez les oiseaux d'élevage, en  
15 particulier le poulet, et pour la sélection d'animaux  
d'intérêt.

Les maladies virales infectieuses sont  
redoutées des éleveurs en raison de leur caractère  
20 contagieux qui conduit à des pertes importantes  
d'animaux.

La vaccination a constitué une prophylaxie  
efficace jusqu'à l'émergence de souches hypervirulentes,  
25 rendant nécessaire l'identification des haplotypes  
résistants.

Diverses méthodes ont ainsi été proposées pour  
tenter de sélectionner ceux des animaux qui sont capables  
30 de résister à de telles pathologies et ceux qui sont au  
contraire susceptibles d'être affectés.

Les techniques les plus utilisées en routine  
sont basées sur des polymorphismes sérologiques ou de

type RFLP. Toutefois, ces méthodes ne fournissent pas de connaissances précises sur le phénomène de résistance ou de susceptibilité à la maladie, en particulier par manque de caractère discriminant vis-à-vis des gènes des systèmes B ou Rfp-Y du CMH.

Les travaux des inventeurs sur le séquençage de gènes du CMH a montré la complexité génétique de cette région, ce qui les a conduits à prendre en compte un autre type de polymorphisme, à savoir basé sur la séquence de ces gènes et des régions apparentées, telles que celles de leurs promoteurs et des régions microsatellitaires. Les inventeurs ont ainsi mis au point des moyens pour disposer de molécules oligonucléotidiques hautement spécifiques des polymorphismes observés, permettant d'identifier les parties de gènes, et même les sites impliqués dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité au développement de tumeurs.

Le caractère spécifique de ces molécules, vis-à-vis d'un gène donné de l'un des systèmes du CMH, en fait des outils discriminants particulièrement fiables pour identifier avec précision la capacité de résistance ou de susceptibilité du poulet étudié, ou d'autres oiseaux, à une infection virale, et pour étudier au niveau moléculaire les séquences du CMH impliquées.

L'invention a donc pour but de fournir des molécules d'acides nucléiques permettant de détecter spécifiquement, chez les oiseaux d'élevage et en particulier chez le poulet, les gènes liés au CMH impliqués dans les phénomènes de résistance ou de susceptibilité au développement de tumeurs viro-induites.

Elle vise également à fournir une méthode et un kit de détection de génotypes de mise en oeuvre aisée en routine.

5 Les molécules d'acides nucléiques de l'invention sont caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules, isolées de leur environnement naturel, d'acides nucléiques de gènes codant pour des protéines impliquées dans le contrôle de la résistance ou de la  
10 susceptibilité au développement de tumeurs viro-induites chez les oiseaux d'élevage, telles que celles de la maladie de Marek chez le poulet, avec le cas échéant, les régions qui leur sont attachées, telles que celles du promoteur ou microsattelitaires. Le terme gène tel  
15 qu'utilisé dans la description et les revendications englobe ces régions.

Ces molécules d'acides nucléiques sont plus spécialement caractérisées en ce qu'elles présentent les  
20 séquences d'acides nucléiques de gènes du système B ou du système Rfp-Y du CMH des oiseaux d'élevage, à l'exception des séquences des gènes de classe II B-L, du gène 17.5, du gène 12.3 et du gène B-FIV de classe I, ou sont capables de s'apparier avec l'un des brins d'un gène  
25 capable de coder pour une protéine telle que définie ci-dessus dans des conditions faiblement stringentes.

L'appariement dans des conditions de faible stringence auquel il est fait référence ci-dessus est  
30 réalisé à température ambiante, dans un milieu 0,1 SSC, avec lavage à température ambiante.

Les gènes de classe II B-L sont décrits dans Immunogenetics 31:179-187, 1990 et Eur. J. Immunol, 1993, 23:1139-1145.

5 Le gène 17.5 appartient à la superfamille des gènes codant pour les lectines et le gène 12.3 à la famille des gènes codant pour des protéines liant la guanine (guanine nucleotide-binding protein). Ce gène est décrit dans Immunogenetics 39:221-229, 1994.

10 Le gène 12.3 est décrit dans P.N.A.S. USA, vol. 86, 4594-4598, juin 1989, Genetics.

15 Le gène B-FIV de classe I est décrit dans Immunogenetics 31:405-409, 1990.

L'invention vise notamment les molécules d'acides nucléiques répondant à ceux des enchaînements de l'un des gènes suivants :

20 . enchaînement du système Rfp-Y

B-FV (figure 1), B-F VI (figure 2) ;

. enchaînement du système B,

25 8.4 génomique (figure 3) ; B-F I (figure 4) ; C12.1 (figure 5) ; DM (figure 6) ; TAP1 (du début de l'exon 2 à l'extrémité 3') (figure 7) ; et TAP2G (figure 8), et autres gènes compris dans la figure 10 et suites 1 à 35.

30 L'étude des séquences d'acides nucléiques des molécules définies plus haut a permis de repérer avec précision les blocs de polymorphismes qui doivent être détectés pour établir un génotypage fiable et précis.

En comparant les séquences de ces blocs, provenant de différents gènes d'un même haplotype ou d'un même gène de différents haplotypes, les inventeurs ont pris en considération les enchaînements divergents et élaboré, pour chaque gène, des oligonucléotides complémentaires de ces enchaînements divergents.

On dispose ainsi d'amorces spécifiques et discriminantes vis-à-vis d'un gène donné du système B ou du système Rfp-Y.

L'invention vise tout spécialement les molécules d'oligonucléotides correspondant à ces enchaînements et comprenant une partie de la région polymorphe des systèmes du CMH du poulet ou autres oiseaux d'élevage.

On rappelle que la région polymorphe peut être dans le gène ou dans une région apparentée telle que les régions microsatellitaires ou celle du promoteur.

Selon un mode de réalisation de l'invention, les polymorphismes sont liés à la fonction des systèmes du CMH.

Il s'agit ainsi avantageusement de molécules correspondant à une partie d'un exon. On citera à titre d'exemple des molécules correspondant à l'exon 2 (domaine  $\alpha$  1) des gènes YF du poulet. Un couple d'amorces approprié est constitué par :

30

Y-F VI  $\alpha$  1 : GGCCCCGGGATGCCGCGGTTC  
Y-F VI  $\alpha$  1, R : ATCCGCTCACCGCCCTGG

Selon un autre mode de réalisation de l'invention, les molécules oligonucléotidiques correspondent à une partie d'une région polymorphe qui n'est pas liée à la fonction des systèmes du CMH. Des régions préférées de ce type sont des microsattellites.

En considérant par exemple, le gène B-FI, des molécules d'oligonucléotides utilisables pour constituer des couples d'amorces correspondent aux enchaînements suivants :

10 B-FI : 5' CCA GCA GTC ACT GCA CAT AT 3'  
B-FI, R : 5' AGG TGG AGT GCG CAA AGT T 3', et  
12.1 : 5' ACA CGC AGC AGA ACT TGG TAA 3'  
12.1 R : 5' GGA AGG AAG ACC TTG GAA 3'

15 Avec les molécules oligonucléotidiques définies ci-dessus et celles élaborées à partir de gènes connus, mais selon la démarche de l'invention, on dispose de jeux d'amorces hautement spécifiques, permettant de déterminer avec précision l'haplotype de l'animal à étudier et de  
20 détecter s'il est résistant au développement de tumeurs viro-induites, ou au contraire susceptible d'être affecté.

L'invention vise donc également une méthode de  
25 génotypage d'oiseaux d'élevage et notamment du poulet.

Cette méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend

30 - l'amplification d'un échantillon d'acide nucléique provenant de l'animal à étudier à l'aide d'un ou de plusieurs couples d'amorces capables de s'hybrider spécifiquement avec l'acide nucléique d'une région polymorphe des systèmes Rfp-Y ou B du CMH desdits oiseaux,



et

- la détection des produits de PCR obtenus.

Une simple comparaison des résultats obtenus avec un référentiel établi au préalable permet de  
5 déterminer rapidement l'haplotype de l'animal.

L'échantillon d'acide nucléique est constitué en particulier par de l'ADN génomique extrait de matériel biologique de l'animal à étudier ou par ce matériel même, en particulier par du sang de l'animal. Il peut s'agir en  
10 variante d'ADNc, d'ARN ou encore de PNA (polypeptides nucleic acids).

Les amorces sont élaborées à partir des molécules oligonucléotidiques définies ci-dessus et,  
15 d'une manière générale, de tout gène (et région apparentée) codant pour une protéine impliquée dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité aux tumeurs viro-induites chez les oiseaux d'élevage et notamment de poulet, en particulier les gènes B-L de  
20 classe II, 17.5, 12.3 et B-FIV de classe I.

Il s'agit par exemple d'amorces de régions microsatellitaires permettant de détecter des haplotypes du complexe B, telles que celles élaborées à partir du gène B-FI, et évoquées ci-dessus, ou d'amorces permettant  
25 de détecter des haplotypes du système RFp-Y, et élaborées à partir du gène 17.5, comme le couple :

17.52 : CAG GAT CTG CAC TGG CCA ATA

30 17.5, R1 : GAA TGG CGG TGC TTC CGT GCC TGG

La détection des produits de PCR est effectuée selon les techniques classiques. Ces techniques

comprennent le séquençage, l'électrophorèse, les hybridations avec analyse SSOP ou SSCP.

5 Cette technique sera avantageusement choisie selon la nature du polymorphisme impliqué. Ainsi, dans le cas de polymorphisme de type microsatellite, on détectera avec avantage les produits de PCR selon leur taille en ayant recours aux techniques d'électrophorèse.

10 Lorsque le polymorphisme ne concerne que quelques nucléotides, voire un seul nucléotide, on aura plus spécialement recours, aux fins de différenciation des haplotypes de produits de PCR, aux techniques d'hybridation (analyse sur membrane à l'aide de sondes  
15 spécifiques des séquences d'haplotypes, SSOP ou Sequence Specific Oligonucleotide Probe), de migration différentielle des échantillons dénaturés (SSCP ou Single Strand Conformational Polymorphism), ou de séquençage. De manière générale, cette dernière technique est préférée  
20 compte tenu de la simplicité de sa réalisation.

L'invention fournit ainsi une technique simple et rapide d'établissement du profil génétique d'un grand nombre d'animaux à étudier, ce qui permet de déterminer  
25 les haplotypes et de sélectionner ceux d'intérêt en vue d'un élevage.

De plus, chaque type de gène pouvant être discriminé en utilisant des amorces présentant la  
30 spécificité requise et son appartenance au système B ou Rfp-Y pouvant être établie, il est possible d'effectuer des études fondamentales plus complètes.

L'invention vise également un coffret ou trousse pour détecter le génotype du poulet ou autre oiseau d'élevage selon la méthode définie ci-dessus.

5            Ces coffrets ou trousse sont caractérisés en ce qu'ils comportent les réactifs nécessaires pour la réalisation d'au moins une PCR et du test de révélation.

10           En particulier, ils comportent les amorces pour la PCR, un témoin positif de la réaction, ainsi qu'une notice d'utilisation.

15           Les amorces se présentent sous forme lyophilisée ou en solution ou, selon le mode de détection, sur un support. Le support peut être, de manière classique, une plaque multipuits ou se présenter sous forme de puces à ADN.

20           L'invention vise en outre un système expérimental qui permet d'étudier la résistance au développement tumoral chez le poulet.

25           Il s'agit de lignées d'animaux qui ont été triées génétiquement sur leurs caractéristiques du CMH. En fonction de ces caractéristiques, les lignées sont soit résistantes, soit sensibles vis-à-vis des tumeurs induites par des virus, comme le virus de la maladie de Marek. Cette sélection génétique, qui s'est dans un premier temps effectuée sur des critères sérologiques, a  
30           été ensuite poursuivie sur la base de l'étude du polymorphisme des gènes du CMH. Il s'agit d'un matériel génétique qui est parfaitement défini d'un point moléculaire, et constitue un outil précieux pour l'étude du polymorphisme des séquences de type microsatellite. Ce

matériel, ainsi que le produit du croisement entre certaines des lignées entre elles, a été utilisé pour déterminer les séquences microsatellites du CMH qui sont polymorphes et pour évaluer si ce polymorphisme peut être  
5 corrélé avec les données de typage déjà disponibles pour ces lignées.

D'autres caractéristiques et avantages de l'invention sont exposés dans les exemples qui suivent, dans lesquels il est fait référence à la figure 9  
10 représentant une photo d'électrophorèse de produits de PCR illustrant le test de génotypage de l'invention. On rappelle que les figures 1 à 8, déjà évoquées ci-dessus, illustrent les séquences de gènes selon l'invention.

15

Exemple :

Etude d'haplotypes Rfp-Y du poulet à l'aide d'amorces microsatellitaires.

20

- amplification avec le Kit Expand™ High Fidelity PCR System

. Avec les amorces 17.5 R1/17.52

25

ADN génomique : 1 µg  
Oligos prendre : 0,3 µM  
dNTP : 8 µl  
qsp H<sub>2</sub>O 50 µl

30

On ajoute 50 µl de Mix 2 en mélangeant.

Mix 2 : 0,75 µl d'enzyme  
10 µl TP10X avec MgCl<sub>2</sub>  
qsp H<sub>2</sub>O 50 µl

Programme d'amplification :

30 Cycles

5

94°C	94°C	65°C	72°C	4°C
2'	30''	1'	1'	∞

. Avec B-FI/B-FI, R :

10

ADN génomique : 1 µg

Oligos prendre : 0,3 µM

dNTP : 8 µl

qsp H<sub>2</sub>O 50 µl

15

et ajouter 50 µl de Mix 2 en mélangeant.

Programme d'amplification :

30 Cycles

20

94°C	94°C	60°C	72°C	4°C
2'	30''	1'	1'	∞

25 - révélation par électrophorèse sur gel  
d'agarose ou par séquençage.

30 Le test a été appliqué à 9 haplotypes de  
poulet, sélectionnés sérologiquement pour le complexe B.  
Il s'agit des haplotypes B4, B5, B7, B12, B13, B14, B15,  
B21 et d'un haplotype inconnu BX.

Plusieurs individus d'un même type ont été  
étudiés pour B12 (6 individus), B13 (3 individus), B14 (4

individus), B21 (4 individus) et un seul individu pour les autres haplotypes.

5 La figure 9 donne une photo d'électrophorèse sur gel d'agarose à 1 % des produits de PCR obtenus à l'issue de l'étape d'amplification.

10 Les pistes 1 et 27 correspondent aux marqueurs de taille et les pistes (2 à 25) aux produits de PCR des haplotypes suivants : piste 2 : B4 ; piste 4 : B5 ; piste 5 : B7 ; pistes 6 à 11 : B12 ; pistes 12, 13, 14 : B13 ; pistes 15, 16, 17, 18 : B14 ; piste 19 : B15 ; pistes 20, 21, 23, 24 : B21 ; piste 25 : BX (absence de détection pour les pistes 3 et 22).

15 L'examen de cette figure montre que les individus qui ont l'haplotype B12 donnent une même bande et sont donc bien homogènes. La même observation s'applique aux individus B14. En revanche, avec B21, on constate que les profils sont différents, ce qui démontre  
20 l'inefficacité de l'approche sérologique. Compte-tenu de la position de la bande de BX, on détermine qu'il s'agit d'un haplotype B4.

25 L'application pratique de cette méthode revient à soumettre les individus naturellement résistants au protocole décrit ci-dessus en prenant en compte les deux systèmes Rfp-Y et B du CMH et à ne sélectionner parmi des animaux à tester que ceux dont le profil correspond à celui des animaux résistants.

30 L'invention fournit ainsi les moyens de vérifier l'homogénéité des animaux et d'effectuer des sélections rigoureuses en prenant en compte chaque système du CMH, et dans ces systèmes les gènes recherchés.

## REVENDEICATIONS

1/ Molécules d'acides nucléiques isolées de leur environnement naturel, de gènes codant pour des protéines impliquées dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité au développement de tumeurs chez le poulet, telles que celles de la maladie de Marek, et de régions apparentées auxdits gènes caractérisées en ce qu'elles présentent les séquences d'acides nucléiques de gènes du système B ou du système Rfp-Y, correspondant au complexe majeur d'histocompatibilité des oiseaux d'élevage à l'exception des séquences des gènes de classe II B-L, du gène 17.5, du gène 12.3 et du gène B-FIV de classe I, ou sont capables de s'apparier avec l'un des brins d'un gène capable de coder pour une protéine telle que définie ci-dessus dans des conditions faiblement stringentes.

2/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 1, caractérisées en ce qu'elles répondent à l'un des enchaînements suivants :

. enchaînement du système Rfp-Y

B-FV (figure 1), B-FVI (figure 2) ;

. enchaînement du système B,

8.4 génomique (figure 3) ; B-FI (figure 4) ; C121 (figure 5), DM (figure 6), TAP1 (du début de l'exon 2 à l'extrémité 3') (figure 7), et TAP2G (figure 8).

3/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 1 ou 2, caractérisées en ce qu'elles correspondent à une partie des séquences définies dans les revendications 1 ou 2, cette partie étant spécifique

et discriminante pour un gène donné des systèmes B et Rfp-Y.

5 4/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 3, caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules d'oligonucléotides correspondant à une partie de région polymorphe des systèmes du complexe majeur d'histocompatibilité du poulet.

10 5/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 4, caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules d'oligonucléotides correspondant à une partie d'exon.

15 6/ Molécules d'acides nucléiques selon la revendication 4, caractérisées en ce qu'il s'agit de molécules d'oligonucléotides correspondant à une partie de région polymorphe qui n'est pas liée à la fonction des systèmes du CMH, telle que les régions  
20 microsatellitaires.

7/ Méthode de génotypage d'oiseaux d'élevage et notamment du poulet, caractérisée en ce qu'elle comprend

25 - l'amplification d'un échantillon d'acide nucléique provenant de l'animal à étudier à l'aide d'un ou de plusieurs couples d'amorces capables de s'hybrider spécifiquement avec l'acide nucléique d'une région polymorphe des systèmes Rfp-Y ou B du CMH desdits  
30 oiseaux,

et

- la détection des produits de PCR obtenus.



8/ Méthode selon la revendication 7, caractérisée en ce que les amorces sont élaborées à partir des molécules selon l'une quelconque des revendications 3 à 6, et de tout gène (et région apparentée) codant pour une protéine impliquée dans le contrôle de la résistance ou de la susceptibilité aux tumeurs viro-induites chez les oiseaux d'élevage et notamment de poulet, particulièrement les gènes de classe II B-L, 17.5, 12.3 et B-FIV.

9/ Méthode selon la revendication 7 ou 8, caractérisée en ce que la détection des produits de PCR est effectuée par séquençage.

10/ Coffret ou trousse pour le génotypage d'oiseaux d'élevages et notamment du poulet, caractérisé en ce qu'ils comportent les réactifs nécessaires pour la réalisation d'au moins une PCR et du test de révélation, selon la méthode de la revendication 8 ou 9, en particulier les amorces élaborées à partir des molécules d'acides nucléiques selon l'une quelconque des revendications 3 à 6.

1/110

Figure 1BF V

## B-F V

```

GGC CCC GGG ATG CCG CGG TTC GTG ATC GTC GGG TAC GTG GAC GAC AAA ATC TTC GGT
ACC TAC AAC AGT AAG AGC AGG ACT GCA CAG CCT ATC GTG GAG ATG CTG CCG CAG GAG
GAC CAG GAG CAC TGG GAC ACG CAG ACC CAG AAG GCG CAG GGC GGT GAG CGG GAT TTT
GAC TGG AAC CTG AAC AGG CTG CCG GAA CGC TAC AAC AAA AGT AAA GGT GAG CGT GGG
GGA AGC TGC AGC GCG ATG CGT CTG GGA CAG GAG CTC TGT GTG CCG AGG GTG TCC GCC
AGC CCC ACT GAG GTG TGG CCG TGC CCC ACG CCC AGC TGT GCT GGG CCG TCC ATG TGT
GGT GGC ACT GTC CCT GGG CCG CCC TGC TCC TGC GCC CAC CCA CCC CAC CCC AGC CTC
ATG GCA CTC GCG GTG CCC CAC AGC CCT AGA AGC CTC TCA CCT ATT ACT CTG GCT GTG
CCT CAG GGT CTC ACA CGA TGC AGA TGA TGT TTG GCT GTG ACA TCC TGG AGG ACG GCA
GCA TCC GAG GGT ACG ATC AGT ATG CAT TTG ATG GGA GGG ACT TCC TTG CCT TTG ATA
TGG ACA CGA TGA CGT TCA CCG CGG CGG ATC CAG TGG CTG AAA TCA CCA AGA GGA GAT
GGG AGA CAG AAG GGA CGT ATG CTG AGA GAT GGA AGC ATG AGC TGG GGA CTG TCT GTG
TTC AGA ACT TGA GGA GAT ACC TGG AGC ATG GGA AGG CAG CGC TGA AAA GGA GAG GTG
AGG ATG GGA GGG GGA CGT GGG GCT GGG CTG GGT GTG GGG CAG AGG CTC AGT GTG GGG
TGC TCA GCC CGG CCC ACA ACG TCA CCC ACC TGC AGT GCA GCC CGA GGT GCG AGT GTG
GGG GAA GGA GGC CGA TGG GAT CCT GAC CTT GTC CTG CCA CGC TCA CGG CTT CTA CCC
GCG GCC CAT CAC CAT CAG CTG GAT GAA GGA CGG CAT GGT CCG GGA CCA GGA GAC CCG
CTG GGG GGG CAT CGT GCC CAA CAG CGA TGG CAC CTA CCA CGC CTC GGC TGC CAT TGA
TGT GCT GCC GGA GGA TGG GGA CAA GTA TTG GTG CCG CGT GGA GCA CGC CAG CCT GCC
CCA GCC TGG TCT CTT CTC ATG GGG TGA GCT GGC AGC GTG GGG CAC GTG GGG TTG GGA
TTC GCA GGC TGC CCC TTC CTT TAC TGA CAA CGG CGC TCT CCT CCA GAG CCG CAG CCC
AAC CTG ATT CCC ATT GTG GCA GGG GCG GTC GTT GCC ATC GTG GCT GTC ATC GCT GCG
GTC GTT GGA TT

```

2/110

Figure 2B-FVI

```

GGC CCC GGG ATG CCG CGG TTC GTG ATC GTC GGG TAC GTG GAC GAC AAA ATC TTC GGT
ATC TAC GAC AGT AAG AGC AGG ACT GCA CAG CCC ATC GTG GAG ATG CTG CCG CAG GAG
GAC CAG GAG CAC TGG GAC GCG CAG ACC CAG AAG GCC CAG GGC GGT GAG CCG GAT TTT
GAC TGG TTC CTG AGC AGG CTG CCG GAA CGC TAC AAC AAA AGT GGA GGT GAG TGT GGG
GGA AGC TGC AGC GCG ATG CGT CTG GGA CAG GAG CTC TGT GTG CCG AGG GTG TCC GCC
AGC CCC ACT GAG GTG TGG CCA TGC CCC ACG CCC AGC TGT GCT GGG CCG TCC ATG TGT
GGT GGC ACT GTC TCT GGG CTG CCC TGC TCC TGC GCC CAC CCA CCC CAC CCC AGC CTC
ATG GCA CTC GCG GTG CCC CAC AGC CCA AGA AGC CTC TCA CCT ATC ACT CTG ACT GTG
CCT CAG GGT CTC ACA CGA TGC AGA TGA TGA TCG GCT GTG ACA TCC TGG AGG ACG GCA
GCA TCC GAG GGT ACG ATC AGT ATG CAT TTG ATG GGA GGG ACT TCC TTG CCT TTG ATA
TGG ACA CGA TGA CGT TCA CCG CGG CGG ATC CAG TGG CAG AAA TCA CCA AGA GGA GAT
GGG AGA CAG AAG GGA CGT ATG CTG AGA GAT GGA AGC ATG AGC TGG GGA CTG TCT GCG
TTC AGA ACT TGA GGA GAT ACC TGG AGC ATG GGA AGG CCG CAG TGA AAA GGA GAG GTG
AGA ATG GGA GGG AGA CGT GGG GCT GGG CTG GGT GTG GGG CAG GGG CTC AGT GTG GGG
TGC TCA GCC CGG CCC ACA ACA TCA ACC ACC TGC AGT GCA GCC CGA GGT GCG AGT GTG
GGG GAA GGA GGC CGA TGG GAT CCT GAC CTT GTC CTG CCA CGC TCA CCG CTT CTA CCC
GCG GCG CAT CGC CAT CAG CTG GAT GAA GGA CAG CAT GGT CCA GGA CCA GGA GAC CCG
CTG GGG GGG CAT CGT GCC CAA TAG GGA TGG CAC TTA CCA CAC TTC GGC TGC CAT TGA
TGT GCT GCC GGA GGA TAG GGA CAA GTA TCG GTG CCG CGT GGA GCA CGC CAG CCT GCC
CCA GCC TGG CCT CTT CTC TTG GGG TAA GCC TGG CAG CGT GGG ATG TGT GGA GTT GGG
ATT TGG GGG CCG CCC CTT TGT TTA CTG ACA ACG GTG CTC TCC CCC AGA GCC GCA GCC
CAA CCT GAT CCC CAT TGA GGC TTG GCT GGT CGT CCC CTT GGT GGT TCT CTT CGT TGC
TTT GAT TGC ATT

```

GGA TCC GGG GTG GGT GGC AGT GGC TGT GTT TAG GTC GGC CTG TGG GGA AAG  
 CCG GGT TGT CCC ACC CAT GTC CCC TCT TCC AAC ACT GTT CCT GAA TGA GTT  
 TTC CCT CTC CGA CCC TTT TTT TAA TGG GTT TCA GGG ATT TAA AAT TAA TAT  
 TGA CGA AGT GAC GGA GGG GGT GGG GCC ACA GCG GAG CCG AAA GCG AAA GCA  
 GCG GAG AGC AAT GGC TGC GGG GCT GCG GCT GCT GCT GGC GGG TGA GAC CCG  
 ACC CCC CCC GGC CCC CTC ATG TCC CAC CAC CCA TAT CGC CCC CCC CCC TCC  
 TCC TCG CCC CAT GCT GAG CCT CTC CCC CAC CCC CAG GGC TCT GCT GGT CCC  
 AAT TTA GGG TGG AAG ACG CCG CCT CCC CTC CGC CCC CCC CCG CTC CGG TGC  
 GCT GCG CGC TGC TGG AGG GGG TGG GGC GCG GGG GAG GGC TGC CGG GGG GGG  
 GCA ATG CCC GTC CTG CAC TGC TGC GCT TTG GGG GGG ACG CGG AGA CCC CTC  
 CCG AAC CCG GCC CGG AGC CCG AAG TCA CCT TCA ATG TCA GCG GTA CGT GGG  
 GAC CCC CGT CAC TGT GCT GTG CGC CTC CTT TAT CCC CAC CCC CCT CCA TGT  
 CCC CAT CTC CTT TAC TTC CCA CAA TGC TCC CAT CCC CCC CAG AAT GTC CCC  
 AGA GTC CCC CAA ACC CCC ATG ACC CCC CCC ACG ACC CCT GGT TCC CAT TAC  
 CCT CTC ACG TCC CCC AGT GTC CCC AAG ATT CCC ATT ACT CCC CGT ATC CCC  
 ATT ATC CCC AAA ATG TCC CCC AAT GTT CCC ATC ACC CCA ATG TTC CCA AGG  
 TCC CTA TCG CTC CTC AAT GTC GCT ATG ATC CCT ATT CCC AAA ATG TCA CCA  
 ATG TCC CCA AAA TCC CCA TTA TCT CCC ACC TCT CCA AAG TCC CCA AGA TCC  
 CCA TTA CCC CCA ATA TCC TCA TTA CAC CCC AAA TGT CCC CAA TGT CCC CTC  
 CAT GTC CCC CAG AGA CCC CAT TAG CCC CAA TAG CTC CCA AAC TGT CCC CAG  
 TGT CCC CAT TAA CCC CAA AAT GAC CCC ATT ACG CCC CAC ACC CCT CCC AAC  
 CCC ATG CCC TCA GAC CCC TTC ATC CCT CTC ACT CCT CTC TCC CTC GCA GAC  
 CCC TGG GGG ACT CTA GCC CCA CTC GGG TCC CCC CCC GGA CTC CCC CCA GCT  
 GCG AAC TGA ACC CCA CGA ACC CCC AGA CCG GCT CTG ACC CAT GGA GCC GCC  
 CTC TGC ACC CCG ACG CCC GCA GCC CCC CAA CCG CGG GGG GGC AGT GGT GGG  
 TGG CGG CGG TGG GGA CCC CGC AGT ACG GTG TCA CTG CGC TGC TGC AGG GGG  
 GGA TGG GCA CAG AAG GAA CCA TCA CTG CCG CCG GTA AGG GGG AAC TTG GGG  
 TGT CCC TCC CTG GGT GTC CCC ATG TCC CTA TCT GTC CCC CAG TGT GTC CCC  
 ATT TGT CCC CTC CTC TGC ATG TGT CCC AAT GTC TCC ATA CAT CCC ATA ATA  
 ACC ATA TGT CCC CAC TCA TCC CCA TAT TCC CCA TGT GTC CCC ATA TCC CCA  
 CAC ATC CCA GTG TGC CCC AAC ACA TCC CCA TGT GCC CCC CCC CAT GCA TCA  
 CTA CCA TCC CCC TAT CCC CCA AGT GTC CCT GTG TCC CTG CAG TTT CTC CCT  
 GTC CTC ATG TGT TCC CAT GTC TCC ATG TCA CTG TGT CCC CGT GTC CCC ACA  
 CAT CAC CAT GCC CCC CAC TGC AGC GCC CCC ATG TCC CTT CAC CTC TCC ATG  
 TCC CCC AGT GTC CCC TAT CCC CTC ATT GTC CCC ATG CCC CCT CAC CTC CCC  
 GTG TCC CCC GTG TCC CTA TGT TCC CCT GGT GTT TCC ATG TCC CCT CAT GCC  
 CCC ATG TCC CCT CAT GTC CCC ATA TCC CCC AGT GTC CCC ATG TCC CTT CAC  
 CTC CCC ATG TCC CCC AAT ATT CCC ATA TCC CCT CAC CTG CCC ATT TCC CCC  
 CGA TGT TCC CAT GTC CCC GCA CCT CCC CAT GTC TTC ACA GTG GCC CTG GCG  
 GTG CTC ACC CAC ACC CCG ACC CTC CGG GCC CGT GTG GGG TCC CCC ATC CAC  
 CTG CAC TGC GCC TTC GCT GCC CCC CCA TCC TCC TTT GTC CTC GAG TGG CGT  
 CAC CAG AAC AGG GGT GCG GGG AGG GTC CTG CTG GCC TAT GAC AGT TCC ACC  
 GCC CGC GCC CCC CGC GCC CAC CCC GGG GCC GAA CTG CTG CTG GGG ACA CGG  
 GAT GGG GAC GGG GTG ACA GCG GTG ACA CTG CGG CTG GCG CGG CCA TCA CCG  
 GGG GAT GAG GGC ACC TAC ATC TGC TCC GTG TTC CTG CCC CAC GGG CAC ACA  
 CAG ACA GTG CTG CAG CTC CAC GTC TTT GGT GCG TCC ATG TGG GGC AGG CGG  
 TGT TCC TAT GGG GTG TGG GGT TGG GCA GTG TTC CTA CGG AGT GTG TAT GAC  
 TGG GTG GTA TTC CTA TTT GTC ACA TAG GAC ATA TGG GAG CAG GCG GTA TTC  
 CTA TGG GGC TGT AGG GTG GAT GGG ACT GGG TGA TAT TCC TGT GGG GGC TGT

4/110

AGG GTG GAT GGG ACT GGG TGG TAT TCC TAT GGA GGC TAT AGG GTG GAT GGG  
ACC GGG TGG TAT TCC TAT GAG GAC TAT AGG ATG GGG TGG CAT CAT CCC ATA  
GTT CAC CTG TAG GTT TAT AGG GGG GGA TGA GCC CTA TAC AGC GTA TGG GCT  
ATA TGG ACC GAT GTC CCC CCA CAT GTC TCC AGA GCC CCC CAA GGT GAC GCT  
GTC CCC GAA GAA CCTGGT GGT GGC CCC GGG GAC GTC AGC AGA GCT ACG CTG  
CCA GTC TGG CTT CTA CCC CTT GGA TGT GAC GGT GAC GTG GCA GCG CCG CGC  
CGG GGG CTC GGG GAC ATC ACA GTC ACC CAG GGA CAC AGT GAT GGA CAG CTG  
GAC TTC AGG TCA CCG CCA GGC AGC CGA TGG AAC CTA CAG CCG GAC GGC GGC  
AGC ACG GCT GAT CCC CGC ACG CCC CCA ACA CCA CGG GGA CAT CTA CAG CTG  
CGT TGT CAC CCA CAC TGC ACT GGC CAA ACC AAT GCG TGT CTC CGT CCG ACT  
GCT CCT GGC TGG TGA GGG GGG ATG TGG GGA TAT TGG AAA CAC GTG GAG GTA  
TTG GGA TGC TGG GAC CAT GGT TAG GAG GGT CTG AGG GAC ATC AGG ACC ATG  
GCC TGG GAC AAT GGG AGA TCA TGG ATT TGG GTT GGG GAC CCC ACC CAG GAT  
GGT GAC ACT GTG CTT AGG GCT GTC GTT GTC CCC ACA GGC ACC GAG GGA CCG  
CAC CTG GAG GAC ATC ACG GGG CTC TTC TTG GTG GCC TTT GTC CTC TGT GGC  
CTC ATC CGT TGG CTC TAC CCT AAA GGT GAG TGC TGT TCC CAC ATC CCA GTG  
CCC CCA CAT CCT CAC ACC CCA ATA TCC CAA TGG CCC ATG TCC CCA TGA GCA  
ATG TCA CTA TGT CCC AAT ATC CTA ATG ATG CTG TGT ACC CAT GTG TCC CCA  
TGT CCC TAT TCC ACT CAC TCT TTC TCT CCC CTC AGC TGC ACG ACC CAA AGA  
GGA AAC CAA GGT AAC ATT CCT CCC CAA AAA CCC CAA ATC CCC CAA AAC ACC  
TCC AAG CAC CCC AAA ACT CAC CAT TCT CAT TCC CCC CCC CCC CCC CCC  
CCC CAT GCC TTG CAG AAA TCG CAG TGA CCT CCA CTC CAG CTC TCA GCA CCT  
CAG CTC CAG ATA AAG AGT TTT TCA CCC CAA AGT TAT ATA TGT GTG GTG GTG  
TCC CCA CAG ATC TGG GTG CAG AGG GGG GAG AAA TGG GGG CAA ACT GGG AGC  
AGT GGG AGC AGT GGG AGG AAG TCC TGG GTT GGT GAG GCA GAT GAG TGG CAC  
CTG GGG ACA TCT GGG TGC CAT CCC TTG TGG ACA TCT GGG TGA CAC TGC ATT  
GCC TTG GGT GAC ATT GGG ATC CTC AGG TCA CTG CAG

5/110

Figure 4

B-FI

GT CGA CGGGAT CTGGATAGGT CGT CAGT CAT CCTAATTAAGGAGGGA CAA CAGTGAATGGG  
 GAGGAG CCGATGACT CAGGCTGGGAGTGGT GAT CCCAGAGGTTT CCT CTG CTGT CAGTGAC  
 T CCGTG CTTT CGCTTT CGCTT CA CAA CCTGAGGGAG CG CATT CTG CCTGG CG CCCGATGAC  
 GT CA CATAAA CCCCCGACTG CCATTGG CGGAGAGG CGA CGGAGGAG CCAATGGGGG CG CGG  
 GG CGGGG CGGAGGAGTAGGAAAAG CTGAAGGA CGTG CG CTGGGTG CGG CGEACTTGAGAGT  
 G CAG CGGTGTGAGGCGATGGGG CCGTG CGGGG CG CTGGG CCTGGGG CTG CTG CT CGCCG CC  
 GTGTG CGGGG CGG CGG CCGGTGAGTG CGG CCGGACCGGGA CCCCT CCCCG CCTGTAA CCCC  
 A CCCC GGG CTGTG CCGTGGGAT CCT CAGACCCCA CCG CGG CT CACGG CCT CG CTG CCG  
 T CCG CCCCCG CAGAG CT CATT CCTG CGGTA CGT CCATA CGG CGATGA CGGAT CCCGG CC  
 CCGGG CTG CCGTGGT CTGTGA CGTGGGGTA CGTGA CGGGGA ACT CT CTGTG CACTA CAA  
 CAG CA CCG CG CGGAGGTA CGTG CCGG CACCGAGTGGATGG CGG CCAA CACGGA CAG CAG  
 TACTGGGATGGA CAGACG CAGAT CGGA CAGGG CAATGAG CGGAGTGTGGAAGTGAG CTGA  
 A CACACTG CAGGAACGATA CAA CAGACCGG CCGGTGAG CACGG CCGGGG CCG CGG CT CCGT  
 GGGTGTGGGATGGG CTCCATGG CG CAGTG CCG CCA CAC CCCCCAGG CCTGG CCCTG CCGG  
 G CGG CACCGT CCGGGG CTG CCGT CACAG CCGCA CCG CG CT CGGGGTG CCG CGT CCGGGG  
 GGGACCCCAA CCCAT CCGG CTG CAGTGGGAG CCGGAG CCGGAGGGG CCCCT CACCCCT  
 GCCCG CTGTGTTT CAGGGT CT CAAA CCGTG CAG CTGATGTACGG CTGTGACAT CCT CGAG  
 GATGG CACCAT CCGGGGGTAT CAT CAGACAG CTA CGATGGGAGAGACTT CATTG CCTT CG  
 ACAAAGG CACGATGACGTT CACTG CGG CAGTT CCAGAGG CAGGTT CCA CCAAGAGGAAAT  
 GGGAGGAAGGAGGTGTTG CTGAGAGGTGGAAGAGTTA CCTGGAGGAAA CCTG CGTGGAGGG  
 G CTG CGGAGATATGTGGAATA CGGGAAGG CTGAG CTGGG CAGGAGAGGTGAG CCGGGT CGG  
 GGTGGGGGGGGGGGGGGGG CGGACG CAGTGTGGGGT CGGACGTGGGG CGGGGG CT CAT CGTG  
 GGGAG CT CAG CCGG CCCT CACTG CCG CCA CCA CAGAG CGG CCTGAGGTG CGAGTGTGG  
 GGAAGGAGG CTGACGGGAT CCTGACCTTGT CTG CCG CG CT CACGG CT CTA CCG CGG C  
 CCAT CG CCGT CAG CTGG CTGAAGGA CGG CG CCGTG CGGGG CAGGACG CCGAGT CCGGGGG  
 CAT CGTG CCAACGG CGACGG CACCTACCA CACCTGGGT CACCAT CGATG CG CAG CCGGGG  
 GACGGGGA CAAGTAC CAGTG CCG CGTGGAG CAG CCGAG CCTG CCGG CCGG CCT CTA CT  
 CGTGGGGT GAGT GAGGGGAT GTGGGG CTGGGG CTG CGGG CTG CCCCTT CCCCTG CTGAT  
 GG CCGG CT CT CCGG CAGAG CCG CCA CAG CCAACCTGGTG CCCAT CGTGG CGGGGGTGGC  
 CGT CGCCATTGTGGCCAT CGCCAT CGTGGTTGGTGTGGATT CAT CAT CTA CAGACG CAC  
 GCAGGTAAAAG CAGGGGGT GAGG CGGG CAGTGGGGG CTGTAGGGGGAT CTGGGT CCCCC  
 CTTGGGAG CCCCCAACCTGG CTGTGATGTGAACCTGTGATGAAG CAT CT CT CTGT CTG CAG  
 GGAAGAAGGGGAAGGG CTA CAA CAT CG CG CCGGTGAGT GATGAGGG CAG CG CTGT CCCCC  
 ACCT CTG CCCAGTG CCAGGGTGGT CCTGGGGT CCCTG CTTT CT CCAAGGTACCCATT CCT  
 GGTG CTTGGGG CTG CT CCATG CCGCATAGGGAG CACAGGG CTGGAT CT CACAG CTGTT CCT  
 CCCT TATAGA CAGGGAAGGTGGAT CCAG CAG CT CGAG CACAGGTG CCGTGTGGGG CTGTGG  
 GTTGGGAGGGGT CCGTGTG CT CT CTGTGGTACTG CCGAGGG CTGGG CTATG CTGGGG CT CT  
 GCGGGGAGAC CCGGAG CAGAGGGT TGGGATGTGAA CCTGG CCGG CCGTGGGA CAT CAT CCC  
 TT CT CAT CCA CAGGGAG CAA CCGG CCA CTGAGTG CTGTG CTT CAG CCTG CAAGGAG CC  
 AACAGT CCA CACAG CATT TGGGGT CCGT GATGGA CACAG CCGCAT CCT CCTGACCT CT CA  
 CAT CT CATT CTG CTT CCTATG CTGA CTGT TATG CTTTG CCTG CACTG CTT CCTGTGAAATA  
 AAATGATGGG CATT CTGTG CT CAG CTTG CCTG CATT CTG CACAGTG CTGTGGTGGGGAT  
 GGGGTGGGTGAGAGGACCGTGT CAGTTTGGCTG CT CAGGGTG CAGATGTGG CCCTGTG CT  
 GAGTACCA CTGCCCT CCCCCCTAT CTG CCTG CTG CT CACT CCGCT CCTGTACCCCAT  
 CCCTT CT CACCT CT CCT CTGTGAACCCCATG CTGGTGGT TGCTTG CT CCCTGT CCTGG CAG  
 AACT CT CATT TTT CCAATGG CAT CCCTGGGTGTGGGATGTGGT CT CCTTGGT CCT CCCCC  
 CAGCAGT CACTG CACATAT CCCCCCACTT CCCCCCTAGGTGTGTGT CCA CAG CACT CCT  
 ATTT CCTT CT CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCGCCCAT CCAGCTGCCT CTG CAAT CCT CAC  
 CCTTG ECCACA CACAACTTTG CGCA CT CCACT CCT CAT CCG CCCTT CCCCCAG CT CTC  
 CTGT CCCTG CTGG CCCCCCT CCCCCCCCCCATTTGTA CCGTA CACCCAAATAAATATGTTT  
 GTTCTGCTGCCCT CAGCGGTCT CTTGGTTTATTT CCCCCGATTTGTTGTTGTTGGGGCG

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

6/110

TCCGCTCTTCA.CCCTGGGGGGPAGGGGCTCTGGGGGTCCCTCATTCTCCCTGCACTTCTTA  
CAGCA.CCGGGA.CTCCCGCGCTGAGATCCCATCACACCCGGGTA.CAA.CATGCGGCTTTATT  
CCCAGTTCTGTGTCCCA.CCCCCGGCCCTGGTGGCACTCAGTGGCA.CCGCAGTCCATGCAGT  
GGCCGTTGTGTGTCTGTACAGCAGCGGTACC

7/110

12.1

Figure 5

ATATATGAGTAAACTTGGTCTGACAGTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGC  
ACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTTTCGTTTCATCCCATAGTTGCCTGCAAC  
TCCCCGTCGTGTAGATAACTACGATACGGGAGGGCTTACCATCTGGCCCC  
AGTGCTGCAATGATACCGCGAAGACCCACGCTCACCGGCTCCAGATTTAT  
CAGCAATAAACCAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTGGTCCTGCA  
ACTTTATCCGCTCCATCCAGTCTATTAATTGTTGCCGGAAGCTAGAGT  
AAGTAGTTTCGCCAGTTAATAGTTTTCGCGAACGTTGTTGCCATTGCTGCAG  
GCATCGTGGTGTACGCTCGTCGTTTGGTATGGCTTCATTACAGCTCCGGT  
TCCCAACGATCAAGGCGAGTTACATGATCCCCCATGTTGTGCAAAAAAGC  
GGTTAGCTCCTTCGGTCCTCCGATCGTTGTCAGAAGTAAGTTGGCCGCAG  
TGTTATCACTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAATTCTCTTACTGTCTATG  
CCATCCGTAAGATGCTTTTCTGTGACTGGTGAGTACTCAACCAAGTCATT  
CTGAGAATAGTGTATGCGGCGACCGAGTTGCTCTTGCCCGGCGTCAACAC  
GGGATAATACCGCGCCACATAGCAGAACTTTAAAAGTGCTCATCATTGGA  
AAACGTTCTTCGGGGCGAAAACCTCTCAAGGATCTTACCGCTGTTGAGATC  
CAGTTCGATGTAACCCACTCGTGCACCCAACTGATCTTCAGCATCTTTTA  
CTTTCACCGAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAACAGGAAGGCAAAAATGCCGCA  
AAAAAGGGAATAAGGGCGACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCTTCCT  
TTTTCAATATTATTGAAGCATTTATCAGGGTTATTGTCTCATGAGCGGAT  
ACATATTTGAATGTATTTAGAAAAATAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACA  
TTTCCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAACCATTATTATCATGAC  
ATTAACCTATAAAAAATAGGCGTATCACGAGGCCCTTTCGTCTTCAAGAAT  
TCCCGCCCGTAGCGCGCGCGCACCGAGCCGGCATCGCACCCGAGCACCAGC  
TCCCCCGTCGTCCAGATGCCACGGGCCACGTCGAGGGCCGACGGGGAGAA  
ATACACGTACCTACCTGGGGATCTCAACAGGCCCCGGGTGGCCAACCAGG  
TCGTGGACGCGTTGTGCAGGTGCGTGATGTCCAGCTCCGTGCTCGGGTGC  
CGCCGGGCCCCAACC GGCGGTTCGGGGGGGGCGGTGTATCACGGGCCCGCT  
CGGGTGGCTCGCCGTTCGCCACGTTGTCTCCCCGCGGGAACGTCAGGGCCT  
CGGGGTACGGGACGGCCGAAAACGTTACCCAGGCCCGGGAACGCAGCAAC  
ACGGAGGCGGCTGGATTGTGCAAGAGACCCTTAAGGGGGGCGACCGAGGG  
GGGAGGCTGGGCGGTTCGGCTCGACCGTGGTGGGGGCGGGCAGGCTCGCGT  
TCGGGGGCGCGCCGAGCAGGTAGGTCTTCGGGATGTAAAGCAGCTGGCCG  
GGGTCCCGCGGAAACTCGGCCGTGGTGACCAATACAAAACAAAAGCGCTC  
CTCGTACCAGCGAAGAAGGGGCAGAGATGCCGTAGTCAGGTTTAGTTCGT  
CCGGCGGCGCCAGAAATCCGCGCGGTGGTTTTTTGGGGGTTCGGGGGTGTTT  
GGCAGCCACAGACGCCCCGTGTTCTGTGTGCGGCCAGTACATGCGGTCCAT  
GCCCAGGCCATCCAAAAACCATGGGTCTGTCTGCTCAGTCCAGTCGTGGA  
CCTGACCCACGCAACGCCCAAAATAATAACCCCCACGAACCATAAACCA  
TTCCCCATGGGGGACCCCGTCCCTAACCCACGGGGCCCGTGGCTATGGCA  
GGGCTTGCCGCCCCGACGTTGGCTGCGAGCCCTGGGCCTTCACCCGAAC  
TGGGGGGTGGGGTGGGGAAAAGGAAGAAACGCGGGCGTATTGGCCCCAAT  
GGGGTCTCGGTGGGGTATCGACAGAGTGCCAGCCCTGGGACCGAACCCCG  
CGTTTATGAACAAACGACCCAACACCGTGCGTTTTTATTCTGTCTTTTTAT  
TGCCGTCATAGCGCGGGTTCCTTCCGGTATTGTCTCCTTCCGTGTTTCAG  
TTAGCCTCCCCATCTCCCGGGGTGGGCGAAGAACTCCAGCATGAGATCC  
CCGCGCTGGAGGATCATCCAGCCGGCGTCCCGGAAAACGATTCCGAAGCC  
CAACCTTTCATAGAAGGCGGCGGTGGAATCGAAATCTCGTGATGGCAGGT  
TGGGCGTCGCTTGGTCCGTCAATTCGAACCCAGAGTCCCGCTCAGAAGA  
ACTCGTCAAGAAGGCCGATAGAAAGNNN

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)



8/110

TGGGGTCCTCTTTGGTCTGATGGAGAGAGGTTGGCACCAGGGTAAGTCGC  
TGCCTACATCACCCTGGTGTCTTGTCTCAGCAGCTGGTGTAAATTTCTG  
CCATCTGGGCTATTTCTGTAGAAAGCAAAGAAGCTCTGCTGGTGGGCAGC  
TCATCTCCCAGTGTGAAAAAGCAAATGCAACGCATGCACCCTGCTATCC  
ATGTGGBCCYAKCCCTCTCCATCAGCTGTTGAAGGAGAAATCTGCACTCA  
GAAGAGATTGAATTGGGCTCAGATCTGGCTTGGGAAGATGATGATTCCAA  
CCAGAGTCCAGGAGACTTTGGGGAATGCATGAATCCTATAGGAAAATGGA  
TAACCCTTCATCCAAGAGCAAGCTGGCATGATGCTCTGGGGTGAAAACCC  
ATAATGCCACCTGGTTTTAAGGTTTGGGGTGGCTTACAATGTGCAGCTCT  
GCTTCCGGCGAGGCACTGGGAGCCCTAAACCCATGGAGAGGTCAAACCAG  
TGCTGGAGGTCATTGTGGGCCAGCTGCAATGGGAGGTAGGCAATTATGG  
ACATCGCTGAAGCCACCCACGCTCTGGGGAACCTTGGGTTTTCACCTTTC  
ACTGCACTTTAATGGGATTTCTCATCAATGTCTGCATGTTCTTGGCCACC  
TGTTTAAAAATATAATAATAAATAATTAAATCTTTTGGCCCACTGCGGGAT  
GAGCAGCTGGTGGTTCAGCTCACAATAAACCACACTTGAGACTCCCTG  
GAGAATTCGCTTTCTTTTGCAGCTGGTTCATGTKGGGSYKTTTCAGCCC  
CTCTGCAGCTCATAGGCTTTTCTTACAGCCTCTGCTCCACCTATTGCTG  
AAAAGGGGGAAATTTGAGATGGATCCCATTTTGTGAACATCTCCCMACCT  
GTGGGTAATGCTCAGACCTCTCAGCCCTGTGGGTTTAATTTCTCTTTCTG  
CAGCTTAATGGGTTGGGGATGTTCACTGCAATAAATTAGTGATGGGAT  
AGGGGAGGCAGGAGAGGATCCCGTCGACCGATGCCCTTGAGAGCCTTCAA  
CCCAGTCAGCTCCTTCCGGTGGGCGCGGGGCATGACTATCGTCGCCGCAC  
TTATGACTGTCTTCTTTATCATGCAACTCGTAGGACAGGTGCCGGCAGCG  
CTCTGGGTCATTTTCGGCGAGGACCGCTTTCGCTGGAGCGCGACGATGAT  
CGGCCTGTCGCTTTCGGGTATTTCGGAATCTTGCACGCCCTCGCTCAAGCCT  
TCGTCAGTGGTCCCGCCACCAAACGTTTCGGCGAGAAGCAGGCCATTATC  
GCCGGCATGGCGGCCGACGCGCTGGGCTACGTCTTGCTGGCGTTTCGCGAC  
GCGAGGCTGGATGGCCTTCCCCATTATGATCTTCTCGCTTCCGGCGGCAT  
CGGGATGCCCCGCTTGCAGGCCATGCTGTCCAGGCAGGTAGATGACGACC  
ATCAGGGACAGCTTCAAGGATCGCTCGCGGCTCTTACCAGCCTAACTTCG  
ATCATTGGACCGCTGATCGTCACGGCGATTTATGCCGCTCGGCGAGCAC  
ATGGAACGGGTTGGCATGGATTGTAGGCGCCGCCCTATACCTTGTCTGCC  
TCCCCGCGTTGCGTCGCGGTGCATGGAGCCGGGCCACCTCGACCTGAATG  
GAAGCCGGCGGCACCTCGCTAACGGATTCACTCACTCAAGAATTGGAGCC  
AATCAATTCTTGCAGGAGAACTGTGAATGCGCAAACCAACCCTTGGCAGAA  
CATATCCATCGCGTCCGCCATCTCCAGCAGCCGCACGCGGCGCATCTCGG  
GCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCATAGGCTCCGCCCCCTGACGAGCATCA  
CAAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAA  
GATACCAGGCGTTTCCCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCGCTCTCCTGTTCCG  
ACCCTGCCGCTTACCGGATACCTGTCCGCCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGT  
GGCGCTTTCTCATAGCTCAGCTGTAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTCG  
TTCGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCCCGTTACGCCCCGACCGC  
TGCGCCTTATCCGGTAACCTATCGTCTTGAGTCCAACCCGGTAAGACACGA  
CTTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGT  
ATGTAGGCGGTGCTACAGAGTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTACGGCTAC  
ACTAGAAGGACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTT  
CGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGGCAAACAAACCACCGCTGGTA  
GCGGTGGTTTTTTTGTGTTGCAAGCAGCAGATTACGCGCAGAAAAAAAGGA  
TCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGTCTGACGCTCAGTGGAA  
CGAAAACCTACGTTAAGGATTTTCTCATGCAATATCAAAAGGATCT  
TCACCTAGATCCTTTTAAATTAATAAATGAAGTTTTAAATCAATCTAAAGT

9/110

CCATAATATGCC.ATTAGAAGTAACACATCCATCAATGATATATCCATAGA  
ATACAAGAGAACGGTCTACATTTACTTCAGATCCCATTTTCAGGTAAACC  
ATGAAAAAATACCCAAAGACTGAATGTCACCATTTCAGGGATCCCGTGTG  
TAAAATCATGACTTCTGCTTTAATTATAAGAAAAATGAAATTCAGTGT  
TTATTCTCTTTTAAGATGAACTCTCAACAGAAAGTTGGTGAGTATTTTTCT  
GCCCTCCAGCAAACCAAAGCATGCAGTTTGCAGTCTGTTTTGGATATAT  
ATTGTACGTGGATATATAACCTGTATGTTATAACACCTCTGGTTTCCTTT  
TCTCCTTCTTTTCCTCAGAAAAACGAGAGAGAAGAATTGGTGAGTATCAA  
ACTTCCCCCAGAAAGTGGACTTTGGTGTGTTGGGAAGATCCATACCACAA  
CGTTGGTGCCAACTTAATGGAAATCCTTTGTTTTTCTTATGTTTTCA  
GATGAACTCACTGCAGAGCTCGGTAAAGTCGTGATTATAACTCATAACGAG  
TTATAATGCTATTGTTATATATAATATACATATTATATATTGTTGCTATA  
ATTATAATAGAGCAAACAATCACAAGGCACAGAAATATGGGTTTGCTTT  
GAGAGCCAAACCTTAGGAAGTGATAACACAATGGGAAGAGGACAATGACC  
ATTTCTGTTGTTCTCTTTTCAGAGCACTACAAGGCAAAAGCAAGTGAGT  
GTCTCCTTCTCATCTTCAGCACGTGAGAGATTTTGGGGGCTTTTGGGAC  
GGCTATGGGGATTTACACATAATAAAACAGAAAGATGAGAAGACAGTTTGT  
TAACTTGAATTCAAACCTGGTTTGAAATTGGTGAAATTACAGTATAAATAA  
TCTCCCCAGTACCCAATTATACAATGGGATTAATTACAGCCTGCCAGGA  
AAGGAGCACTGAATTTTTCTGCGTCCATCCAGCATGAAGTCCATCAGA  
CTTAAGCTTACAGCTTAAAGAATGGTTTCAATTTTTTCAATTAACCCCTC  
GTAAGTTAAAGATGGACTTCAGCATCACAGAAGTAGCCAGAAATAGTC  
AAAAAATGGGTCATGAATTTCCAGAGCACCCCCCACACTTTCCTTGGTG  
AATAGGAAAACAAATATTAAACTAATTAAATTGGTTTTTTTTCTTTTA  
GGAAGATGTTTTGAGGAACACAGTAAGTGCCCTTTTCTCCTTCTTTAAG  
CATCACTTTTCACTTTAAGTCTGCATCACAGTTAATAATCCATCTCCTTA  
TTATGCATTTTTAGGGAGAGGCGAAGAAAAAGTTGGGTAAGTCATTTGGTT  
AATTGGGTTTCTGCTTGCAGACCCCATCCAGGAGCTCATGTCCTCCTCTT  
AGTGTCTGCACTGTAGAAATATCCAGGTTAGACGTGTAGGTAGGAAATAC  
TGGACCTGCGTGGAGGTATTGCAGACCCCATTTATGTGTAGGGGAAGCAG  
AACATCAAACCTATTGAGCCTTGAGCTCCACGAAGACAAGCCACCCTCTTA  
GATTTCAAGCGAAGTCGAGCTGAATAGATTTAATTCTTTCTTTCCCATAG  
TAAATGTGACTCTGGACCCAGAGACGGCCACCCTCGCCTCGTCCTCTCC  
AAGGACCAGAAGAGCGTCCGATGGGAATACAGCCTGCAGGAATCCCCGA  
CGGCCCCGAGCGCTTCGACGCCGATCCCTGCGTGCTGGGTTGTGAAACCT  
TCACCTCTGGGAGGCACTGCTGGGTGGTGGATCTCACAGAAGGGCAGTAC  
TGCGCCGTTGGGGTCAGCAGGGAGTCCCTGCCAGGAAAGGAGCCGTCAG  
CTTTAACCCCTGATGAAGGCATCTGGGCTGTGCAGCAATGGGGGTTCAAGA  
ACAGAGCCCTCACCTCCCCTCCGACCCCACTGAACCTTCCACGGGTTCCC  
AAAAAGATCCGCATCTCTCTGGACTACGAATGGGGCGAGGTGGCGTTTTT  
TGATGTGGAGAACCAAATGCCCATCTTCACTTTTCTCTGACCTCCTTTG  
GTGGGGAGCGGCTCCGGCCGTGGTTCTGGGTGGAGCTGGGCTCCCTCTCA  
CTGCCAGATAACCCCGGAATCCCTGGAGGTGCTGTGGAGGTGCCTTACA  
GCAGCTCTTCCAGACCGGGGTGGAAAACTCTCAGGAAAAGCAGCATTAA  
AACCTCATTCTCCCTCTTCCCAGTCAACCATTGTCATGAAAAGAAAGGA  
AACCCATCCTCAATGTCATCAGCATCCTCCGTGTGTCATGTCTGGTGGCC  
CCCATTGATGTATGGGGTGGCTCCTGTTGGTGTCTGGTGCCCCCTATTGA  
CGTATGAGGTGGCCCCCATTGACGTGAGGTGGCCCCCATTGACGTGAGGT  
GGCCCCCTATTGACATATGGGGTGGCTCCTGTTGATGTCTGGTGCCCCCA  
TTGACATGAGGTGGFEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)CAATGCCW  
CMYGATTGCAGTTCCAAACTCTAGGGACGTTAAACGACCCACAGAGAGGA

10/110

AATCACCTCAAAATGAGCCTGAATGTTTGCACCTGAGGACTGAGCACAGCT  
GGGCACTAATTATCTTTATTTCTCTCTTATTTACAGAGGAACGCGATCT  
GAAAATCAGTAAGTGCTGCCCCAAAGCCATAGGGCTATGCTGGGCTTCAT  
CCCCACAACATGAATTTTATAAATTAATAAAATAAAATAAATAAATTT  
TATATTTTATGTATTTGATATTAGCAGTATTTAAAAAAAAGAATAAAATA  
ACTCAAGAATCTTAGGATCAATAGTAACACAATGATGCAACGTGGATACA  
AAAGCAGTAATTCCTATTTCTTTGGGTTTTATCCTTCCAGGGGAACACG  
AAGCAGAGATACGTGAGTGTTATTTTATATACTCTATAATGGAAAACCTT  
TTTCTCTGTAATATAAAAAATAGGCTTTATTATTKGAGGGGTTTTTTGGCT  
TAACGCAAATGCGAAGTGCTTGAAATTCTACGTATGAAATAGAGGATTTCT  
CCATAGAGAAAAACAGCAATTTGGGGCTGGAATAAAAGTTTCATTTCTT  
GCTGAAAAGTGAATGAAAAGGGGGGGGAAAAGAACATAAAAAATTGAGTTTT  
TTCCCTCATTAATCTGTCTATGAAATGGGTGGGTTCCTGAATGGTGATGT  
CAACACCTCGTTTTGGGTTCAGCCCAACATAATATGTGTCTGTCTTTAT  
TTCTGTATCACTGGTGTTAAAGAGAGCTGTTTTGAACATAATCTCTTTT  
TTAATTACTTTTTCTTTTTCTTTTTCTTTCTTTTTCTCCCGTTTTCTCT  
CTGTTTTGCTTTAAGGGCGCCTCACTGAGCTGCTCGGTAAGTGCATTTCC  
TTCCTTGCACTCTGTSAAWMCAGCWATAACCVHAGGYCCTATTTTGGGGGG  
GAAGGAGGGGATAAAACACAATAATGATGAAATCAGTGCTTTGGAAAGGG  
TGCAATTATTATTTCTCCTGCAAATGAATACTTCTTTTTCCCTTTTGT  
GCAGAGGACCGCGATTCCGATGTCCGTAAGTCTTTTTGTTTGTCCCGGAG  
CTGTGAATCCTCCAATGGGAAATGCAGAATTTAGAGTCTGCCCCAAAAA  
TGACCTTTTTGAGGCTACAAGGGATGGGAAAATAAGGAGAAATGTCCTTA  
TTTATTGATCTCCTTGTTTATGTGCAAACTGGGTGACTCTTCTCTGCCG  
AACACGTTAGAAATAAGAACACAAAATGGGAGGAAATGGTATTTATTCAT  
ATCTGTTGTTTTCTGTTTAATTTTTAGGAGAACAGGACATCCTCATTAG  
TAAGTGGCACTTTGGATTGATAAGAAATGCAGCTCCTGGGGACGTTTGGG  
TGCTGCGATTGCTGGCACTGCTGGGGCTTTGTGTTGTGGTGGAAGTGGA  
TTACTTCAAAAGAAGAGAAGAATGGAATTATCTGGAGAAAAAGGGGAATA  
AATGGAATGTTTGGGAAAAGAAGGAGGAATAGAATGGAATATTGGGA  
AAAAAGTGAAATAGAATGGAATTATTTCAAAAAAATGGAATGAAATTTA  
GGGAGGGGGGAAGGGGAAGTGAATGGAATTATTTGGGGGAGAAAAAGGGG  
AAAATTGAATGACTGGGGGGGGAATGGGGAAATAGGATGGGAKTWTTTTA  
AAAATACAGAATTGTGAAGTTTCAGCCCATCTCAGAGAGTTTGGTATCC  
TCGAGTTCCCCCTTTGCAACCCATTGAGCATCCTTGGGATGACACCAAAT  
TCTGTTTTCTCCTTTTCAAGGGAACTGTCAGAAGAGCTCGGTGAGTTAT  
TTCCACTTCTTACATACAAACTGATTCTGGATAATCCTTTTGTGTGTT  
TCCTGCTTTGCCTCTTTGTGTTTTAAGAGGCAACTGCAGAAGGAATGGCA  
CAAAGGGTGCAAGGATCTTTGGGATAAATAACAGGGAAAACAGGGATGG  
GATAGCAATGAGTTGGTGCAATAATCTATGGCACAAAAGGTGACGGCGTG  
TTTCACATTTTGCTTTTTCTCTTCTTTTAGAGGAATTAAGGGGTCCGGA  
AGTTGGTAAGTGAGATTCCTTTCCCTCTTCTCCCCAAAAGGATAAGGGGT  
AATTTGGATTCTGATCTCTTTTTCTCCCTTTTTGTTCTTAGAGGAGAGTG  
TTCTGGAGAGGGGTGAGTATCATTCTCTTTCTACTGCTGCTTTTGA  
AGGAATCCCCCATAAGCATGCTGGTGGGATGGGAATTTCTACATCTGATAC  
ACAATTATTATCATTCTTCAATTTTTTATACACAGAAATAGATAATTTTT  
TTCTTTTCTTTTCTCTTTTCCCCCTTTTTTAGAGGAACATGATGCCAGAA  
TTGGTACGTGTCCATCTCCCCCTGCTTTTGTGGTGTCTTCAAGAAGGCCA  
ATGGGGTCATTTGGGATTGTTTGGGTGAGGATTGGGTCTTGATTGAAT  
TTGGGGGAGGATTC. FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26) ATCTCATGT  
TTTCCTATGGGCTTGGATCCTTCTGTTGGATACCTAAGAATACCTGAAAT

[illegible]

12/110

TAGAAGAATGGGATGCAAAAATCAGTGAGTGCCCTTTTTTCTCTCCCTT  
CACGGTGAGGTATGGGTGTGGAGGACCTGAATTAATGTGAATTCCTCTGT  
TTTAAGGGAAGCTAACAGAAGATTTTGGTAAGTCGCTTATTTTCCTCGAT  
CTGAGTGCATATTTCTACACCTTTACCATCAGTGATGACCAACGTGTGTA  
TGCATTTCTCTTTATTCCATTTAGAAGAGAGCGACACAGAGCTCGGTGAG  
TGCTTTGGGGTCTTATCAAGGTGGAAAGATGCCCTCTGTGCAACAGTGG  
GGATTGGGAGAAGCCCTTCAGCTCTTCCATTTATCCACATCTGATACCCA  
GATGGAGTCAGGATGCAGAACTGGAGGAGGAGGGCCAAAGCTTTGGGCAT  
TTTGGGGTTATTTTTGTTCTCTCGAGAGCTCCCAGGATTGACCCGTGTCCA  
TTTCTGTGTTATTTCCAGAGGAATGTGACACAGAAGATGGTGAGTGTCTT  
CCGTGAGAGGGCTCAGAGAAAGACTTCCACCAAATCTCCCTCCTTTAATG  
TATATTCTGATGTATTTATTTAAGGGGATCTCGCASCTGAGATCGGTAAG  
TCGTGTGTGGTTATACACCCCTATKTGTGCCTCCCATCAAASAGGGCTCT  
GTGCASCTTGAGTKGTGTTCCACAGGGTTTGTCTYCCCACTCTTCACACG  
AATATGGGGGTAAAACCCAACAAAATGGCACAGAGGGATTGCAGAAAGGG  
CGGGCGTTGGGTGGCGCTGTGTTCTGATCCAAGGGAGGGTGAAGCTCATG  
AGAATGGTTCTTTCTTTCTTTTTGAAGACAATCTGACTGCAGAGCTCG  
GTGAGTGCTTCCCTTTCTCTCTGCTTCGTTTCACTGTTGGGTTTTTAGG  
GGGGAAAAATGCTTATTCCCCCATAAACACACACATGTAACCCAACCTG  
GGCTGGAAGAAGGGTCCAAACGTTCACTGCAACTGCAATTATCATT  
CCCAATTGGAAGGTGATTCCATCATGAACCATCCACCCATCACAGTGGAA  
TTCTGACAGTGTTTCTCTCTGTTTTCCCTTTCAGAGGAACGTGATAGGAA  
AATCAGTAAGTGCCTTTTCTTCCAGAACTGATGGGAAGCGATGGGTTA  
GGGTTAGGGTAAGGGTTAGGGTAAGGGTTAAGGTTAGGCTTGGGGAAAAA  
TAAGTTAATACATTTTATTATGGCTTAGAATTGAACTAATGTTTCATCTA  
TTTCTTTGTTTTAAGGAAAGCTCACATCAGATCTTGGTAAGGGTTACTTC  
CTTTAACTATCCTTAATTCTGCAACAGTGCTGGGTATAGAGTAGAAAAA  
TATGCATGTGAAGGTGTATGTATGCACATGTTAATTCATTCTATTATG  
TACTCGTTAGTTGCTATATATGTATTAATTTATTCACATTATATATAT  
TTGTATATATTTGCAAATATTTGTATGTATGTGTGTATGTGTGAAGAGAT  
TGGGGTTTCTCTGTTGAAGAGGGGGGTGAATGACAGCAGGTGTCCTTA  
ATAAGCCTTATTTTCAAACACTAACAAGGGAGAATTGGGATACACAGAA  
ATAAAGCCTAATAAATGGGAAAAAGAAAGAATGAAATGGGTAAATATTG  
AAAAGAACRAAAARTTTGGAGAAAAGAAATGACASTTTTGGTTGGGTTGG  
GGCTGCTCTGCATTTCTCCRCTTATTTTCTCCCTTTGCTTTCAGGTGATG  
TTGACACAAAGCTCAGTGAGTGGAGCTGCTCTTCTGCCCCACATTTAAG  
AGTATTTTGGTATTTTAAAGACTGTTTAAAGAATATTTGGACATTTCTG  
TGGAAAATGGATTTCTGGTCTGTAAAAAAAACCTGGGGCTTATTTTTGAG  
GACGGAATAAATGTCCCAAAAAAGGGGGATTGTCATCAATTGACTGGG  
AGGTGAAAAATAAAGCAGTGATCTGAGCGTGTTGGGGCCAATGGATGAA  
CCTCAATGATCATTGTGGTCTTTTCAATCCAGGCCATTCTATGATTCTG  
TGAAAGAAAAGAAGATAATTAACATTTAATTTTCTTCTTTCTCTCTCAT  
TCCAGAGGAACGCGACAGGAAAATCAGTGAGTGTCACTTTTTTGGGGCCA  
AAACCTCTGATTTGGGGAAGGGATCCCTGATAGAAGTGGTTAATCCTGT  
TGGTTTTTCCCTCCTTGCAGCCAACTCTCAGCAGAAATACGTAAGTCCT  
TTTCCTCCCAATCTGAACTGTTTCTTTGTATTCTTAGACTTCCTTTTTT  
TTTTTTTTCTGTTTTAATTAAATAATGCTTTTTTTTTGGTTGGTTTTTTT  
TTTCCTATTTGACAGGCAGACTGACTGCACTGCTGGGTGAGTGGTGCCA  
TTAAATCCGTGTGTGGTTTTGGGCTGAAAACCTTAAAAATGGGAACCTCT  
GCACCCAGACAGMYATSGTEWKNGCTTKYVAVCATTTCTTAGAATAA  
AAATGGGGGGAAATGGGCAAAATGAGCATTGCAAGKGAGCAGAGYTGCTG

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

[illegible]

14/110

GAAAGAGGTTTATTTTCACAGTGTGGAACTCAGATCCGTTGCCTCACCT  
GCACCGTGTATTTGCAGACACCCAAAGTGTTCCAGAGTTTGATGGTTTTG  
TCCCTGGAGCCCGAAACGATCTGGCGGTTGTGCGGAGGAGAAGGCGACGCT  
CAGCACATCCTTGGTGTGGCCAACAAAGCGGCGGGTGGTGGTTCCTCTGC  
AGGGACACCAGGAGGGTCGCACGGGAGGGACAAAGCTCAGCAAACCCCCA  
TTAAATTAATTAACCCTCCCCTAAATTGAGGAGATCGTGCTGCAGTGCAT  
AAATTCTTAATGAACACAACCTGATGGAAGCAGGAAGGAAGCTAAAACGGA  
GTCATCTCCACATGGGTTGAGGAGTGGTGGTTCCTTCCCTCCTTCCGAAC  
AGGAACAAAAGGGTGCCAAAGCTTTTGATATAGGGTTGGAATAATCATGA  
GGAGTTTAGGATATAAAACTCAGCTTCCGTGGACACACAGCAGCGTAAGT  
GCTGAACGCTTTTGGAGGATTGGGGTAGTTCTGCTTCCCTGAGGAGTTTCT  
TCTCCTATAGTACTCCCAAAAATCACAGTGCAAGAAGAGCCCGTGCTGCT  
CCAACCTCACCCCAAACCTGTACCCCAAAAATCACACCGAAGGAAAAGCC  
TGCTTGCTCCAGTCTGTACCCACAGCGATGGTGAAGGAAGAACCAAATC  
CCCCCTGCTGCTCCACSTGCTTCTCTCCCATCATAATTGCAGGACGTGT  
CCTCAGATCCCGGAGGATCAGCAGACTGTGTCAAGGTGTAATCACTGGGAG  
AGTGAGCTGAGGGAGGAACCGCTTTGGTCCCTCCCTCCAAGCATGATTTAC  
CACCCAACCTGAGAGGAACTCACCTCATTTTCACGCTGTACCGCACACCT  
CTCACCCACCCCAACACCCAAACAAAACACAGAGCCCAGTTCTGCCCAA  
ACCCCAACCCCAAAGCCCTTTCAGTCCCCAGGACTCACGTGGTGAGGTCC  
CACAGCCTCAAGGTGCCATCCCAGGAGCCCGACAGCGCAAACCTGCCCATC  
GGAGGAGATGACCACATCGCTGACAAAGTGCGAGTGGCCGCGCAGGGCGC  
GCTGCGGGATCCCGTAGTTGGTCTCATCTCGGGTCAGCTTCCACATGATG  
ATGGTTTTGTCTGGGAAGGGGGAAAGGCAGCGGCCCTCAGCTCCAACCCTT  
CTCACATTCCCGTCCCTCACTGGGCTTTATCTCCCTCATAGCAATGGGGGG  
GTTACACAGAAGCACCGCACCCCTTCTCTCAGCCCCCAACCGCCTCCC  
TACGTCTCATACACAGCAGCCTCCCCACCCTGCAGCTCTCTGTCCCCGA  
GCCCTGCACCCCATTCATCACCTCCCCTCCCCSAWGGTCCCCCCCCAGCCC  
CCTCNTYTAYCACKGACGGTGTCCCCTTATTTCCACAGTCCCCTCCATA  
GGCCCCACAGTTCCCTGCCCCCCCCCACCCACAGTTCSGCCCCCCCCCGC  
CTCGGAMGAGGCCCGAACCCTCAAGGCGCGGCCCTCACCCCGCGACGSG  
GAGAGAATCATGTCCGGGAACCTGCGGGGTGGTGGYGATCTGCGTCACCCA  
CCCATTGTGGCCYTTTCMGGGTACCGSGGAGGGTTCATCTGCTCCGTCTATGG  
CGGCGGCGGGGCGGAGGGATGGCGGCGGATTCAATAAAGGGCCCCGGCCCG  
GTCCGGTCTACCGCCCGYGATGGCCGCCAGCGCGGAAAGAGAAAGAGGG  
AGGTGACTTCCGGCGGAAGCGGAAGTAGCCGCTGGGTTGTACGGCAAGAG  
GGGCAACATGGCGGCGCGCATAGAGAGCACGCTGAATGGGGGAATGGGGC  
TTTTGGAGGTGGGGAGGGAAGGTTGTTYTCTGCCGCTGCAGGRACACGAG  
GTGCGGGCAGAGCACCTTCTTTAACATTTGKTATTATTAAACGTTTWACA  
TTTAGCATTTTTATTATCCCTGTTGTGCCAGGACGGAGAAGAGCAGGGTG  
TGCAGCCTGTGCTTATCACCTGCAGCTGTCCCTGCACCCACAGCCAACC  
CAAGTTTGTGACGCCTGAGCAGGATCTGACCCAGGAAGGCAAACAGAAGG  
TCTGAGTCCCTCCTCCCTTTCTTTCCCATCCCTCCCACGCTGCAGTTTGG  
GGGCTGTGACCCGTCCGCGTTGCTCAGTGCTCATTCCGATGAGCAGTGGC  
TGATGGTGATGTTTACAAGTTTTTGGCATCCCTGTGGGTTCACCCCCGT  
TTTGTCTCACCAGCCTTTTTTCTATCCGTCTTATCAGCAGATCATCCTTG  
TTATTAGATCTGTCTTTTTTCCAGTCACGGCTTTGCATTTTCACCTTGGTT  
TTACCACCTAACATCAAGCCTTTTGTCCCCATCTGATGATATTCATGCAG  
ATAAATCCGTAAAGCAGGGAAGAATTAAATTCTGGCCCCCTTCTACACCCA  
TTTAGGTTTAGATCTTTTACCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA  
GGAATAACGTGTCTTGATGTGCCAACACACCTTGAAATCCAGAAAATTGC

15/110

GGCCTGGCACTTTATTTAGGGCCACGTAGGCCGGGGAGGGTGCAAAAAAT  
TGGGCAACTTCCACCTCTGAGGCTGCTCAGAGTGCAGCATCGCACCAGGC  
CGCACCGGTGGGAAGCAGCCTTGTTTCCCCTTGACAGCTTAAGAGCTCTCT  
GAGGTGGGGGTATTTATTTTCTCTTCCCCTTTTCTCAGCTGCTGTTGAATT  
TCCAGCTGAATCCTGTCCCACCAGAGAGACTCTGATTGCACCCTGTTGTG  
TTTTACTTCTTTTTGTTGGTGGATTGGTATTTTTTTTTTCTGTTGGCGTT  
ACAGAGCTAGTTCAAAATATTTTTGGCTAAAATAAGAATTAAATGGAGAT  
CTAGTTTTTTGAAATGTCAAGAAATAATAATAATAATAATAAAGAATAAA  
GAATAAAGTTTTAAAGCTGAGCCTCTCCCTTATTGAGAGCCCCCAGGGGA  
CAGGAGTTGTGGTGCAGGCCCCCAGTCTGCTGTAACTCCTGCTGGTAA  
GATGTGACTTAAGCCTTGATCGTTAATCTTAACCTTAATTAGCAGTAATT  
TGGATTGGGCTGCTTCCCTTCAGCAGCTTGTAAGGGGATAGAGGCTGCTG  
GGTGAAGTGAAGCTCTGTGTTACCACCTCTCCTGCTCTCCCCACATGTTTT  
TGGTGGTGGTGGTTGCTTCTTTTTGGCCACGGCTCTATCTCCCCAGGTGT  
GCACTCACTGTGGGCTGCTACTGCTCCTGAAAGGGCTCAGGGAGACATTT  
GAGTCCCTTCGTCCACACGTGGGAGGAGAGCACTGATGTCCCCATCCTTA  
AAGTTGTGGGCACAGCCTTGGTGGCAAATCCAGAATGGGATATAATGCAG  
CCATGAGCTCAACAGAGCGCTCTTTTATTGAGTTTTGTGCATAAAATCTG  
TGTGTTGTTACCACATCCTCATCTGGTTCCAATGGTGACTTGCCACACCC  
GGACGAGGTTATCTGTGTAGCCAGCAAACAGCGTCTGGGGAGAGAAATGG  
AGGAAGTGGATCATGAAAAGATAGGAATCAGCCCTCGGTGTGAACGTAAA  
AATCTCAGAAGGCAGCTCCCAAAGCGGAGGTGCTGGAGGAAGGTGGGAGT  
TTTAAGGCTGCAGGAGGAGCAGTGAAAAGGGAAAGGAGAAGGGGATATTT  
CTACCTGCCCATCTGCAGACCACGCCAGAGAGGTACACTGGGGAGGCTCA  
GCTTTGCTGCTGGTGTGATCACCTCCTGCTTCAGCTCATCCACAATGAT  
TTTGCCTTCCAGGTCCTGTGCAGGACAGAAGAGAGCGTGAGGGACTAAGG  
TCCTGCAGGGAGACTGCTGTAGCCAAACCCAACCATTCCTCAACTCAGAACA  
GGCTCAGGGTGCTCAGAAACAGCCTCTGGGTTTCCGCACAGGGATGCAGT  
CAGATGGCATCGAAGTTTCATCACAGCAGAGTGGTGGCTGTGCCCCACAC  
CACCCTCCCAGTCCAGGGGATGACAGTGCCACCAGCATGACCCATCCCAC  
GTAACCAAAAGGGCTCTGCACCAAGGCATCTGTGGGGCAGGGCGAGGATT  
TCGACCACAACTCTGCCTCCCAAACCCAACAGGATAAGGGAAGTGATTCT  
TTAGGAGGTAAATAGGGATGTACATACCCAGATCTTGATGCTGGGGCCG  
GTGGCAGCGCAGAGCCAGTAGCGGTTGGGGCTGAAGCACAGCGCATTGAT  
GATGTCCCCTCCATCCAGCGTGTACAGGTGCTTGCCTTCATTCAGGTCCC  
ACAGCATGGCCTGGCCGTCTGGGGGGCAGCAAAGAGGAATCACAGCAA  
CCATCAAACCTGTGGCTTTGTTCCAGTTGTCCATCTAAAACCTTCCAGCT  
TGGAACAGCACTTGATTTGTGACTGAGATGTGGGTGAGTTGCCACAGGA  
CAGCAAGAGGCACATAACTGAGCTGTGAGAACAACAGAATAAGCTGCAAT  
TTGGCCTCAGCTTTCCCCCAGGGTGTACCTTGCCTCCAGAAGCACAGAGG  
GAGCCATCAGGGGAGACAGTCACTGTGTTGAGATATCCCGTGTGGCCGAT  
GTGGTTTGTCTTCAGTTTGCAGTTAGCCAAGTTCCAAACCTAAATGAGGG  
TAAACGTGACAGGCTCAGAAATATGGAGGAGAAAAAACAACCCCTCTCA  
TGATCACTGCTCAAATATTCCCCAGAACGCCGCACAAACCCCAAAGGAGC  
TGCTCCTCTCACCTTCACCAGCTTGTCCCAGCCACAGGAGACAATGATGG  
GGTTGCTGCTGTTGGGGGAGAAGCGCACACAGGAAACCCACTCAGAGTGG  
CTCTCGTCTGAGGAGAGGAACAGCATTGGGTTGAAAGCAATGAAAAGCA  
TCCCCAGTCCGAGCTGCTGCATCCCACTGCTCCCTGAGCCCCCTCATAATT  
GCAGGACGTGTCTCAGACCCCCCCCCAGAAAGAAAGGTGAGCAGGCACTG  
TGCACTTCTAATCATTAAGTCCGCTTACCTTACCGGATCA  
AAACCAACAAATCAAAGAGAAATGGGGGAATACGGACTCAGAAACAAGCA



16/110

GTGGTTTTTGAGGGAAAATGCCGGGGGGGGGGGGGGGGGGGATATGCCC  
TGAGAGATTTAGGGTCTGTTTTGGTAAGGAAAGCCTCCAGCAATGTGTGG  
GCTGTGTCTTTGTTCTCTGTGGGGAAGGGAATCATCCAGGCTCAGTGCTG  
AGTTGTGGCTGATAAGAGGATTTATTGGGAGCAACGGTGGGATTGGTATC  
AGTCATCCCTAATCCTTTCTTCTTTCCACCTTGCTGCCTCCTTCCC  
ACAGGACATCAAGGGCACTTTTATCAGGTCAGTGACTTTGTTTGCATCTT  
TTCACTTTGAATAACTTTTCTTTTTTTTAAATGTCAAAAAGCATTGAGC  
TTTTGTTTTAAATCCTGTGTGATGGGTACAGTTGGGGCCTGGTAATGCAG  
GGGAAAGCTGTGTCCTAACTTTTGGGTGATGGAACTTCTGGCTGATGGG  
GTGCAAATGGGATCTGGGGAACAACTTGGGAAAAGACTTGGGAACTTGGG  
AAACAACCTCTGGGGCCATTTGGGAAAGGGGAAGGGTGGGGAGGAGATCTC  
GGCCCTGATTTCTGGAAGCGTGGGTGTGCCCATGCAGACCTCATGCTATA  
GCGAAACTCCTCACTCTGGAGAAACGATTCTCCCCATCCTGTCAGACAAA  
TGGGCAGCGCTGGGAGTTCTCAGCCATGCTGGACGCACGTGGCTCTACCC  
CAGCTCTGTCTGCTGGCTGAGGGAGGGTGGGGGAGGCTGGCTGCACCAGT  
GCAACCAGTTTGGCCGATCCATGCGTTGCTCTGGTTTTTCCAGAGCTGCA  
TGCAGGCCGCTCACTTCTTTCTGCTGCTGAAATTCTCTGCTTTCCTCC  
TTTCCCCCACCACAAAAAGATGTGAGAACATCAAATTCCAGGAGCCCGA  
GATGGTGTCTGGTGGACGTGGGGAAGAAATACCGCAACTATTTCTGCAGG  
ATGTGGTGATGAGAAAGATGGAGAAAGCCTTCAGCAAAGTTCCACAGGGT  
GAGAGAGTCTCTTCTTCTACGTGGGATGGGGTTCCCTCCACTTGGGAT  
GGGATTTCTCCAGCTCTCTTGGGGTTCTCCTTCCATCTCTGTGCTCCCAT  
GGTTTGCAGCCTGATGATCCTTTAGGAAAAGCAGCATCCCTCTGTTCTCT  
CTGTGCTTTTCCCTTTTGCCTTGTCTTGGGTTTTCCCTATTGTAGCTCC  
TCCATAGAAGTGGGGTTGATGTGGATCTGGATTCATTATAAAGGAGGGAT  
GACTGCCTCAAACCTCAGCATGGTGCAGATACGCAACCAGATGAGGATTGA  
GGACTGGGGTGCAAGGGGGGAAAAAAGTGCCAGGTGACCCCTAACGACCC  
CCGCTCTCTGCCCTTCTTCCAGCTGACATCACGCTGGACCCGGACACCG  
CTCACCTCGCCTCAGCCTCTCCCTGGACCGCCGACGCTTAAGCTGGGA  
GAACGACGCCAGGAGCTCCCCAACAAACCCCAAACGCTTCGACTCCGATTA  
CTGCGTCTGGGCTCCCAGGGTTTACCACAGGCCGCTCACTACTGGGAGG  
TAGAAGTCGGGGGCAAGAAAGGTTGGGCGGTGGGGGCTGCACGCGAGACG  
GCTCGACGCAAAGAAAAAACCATGGGGCCTCATCAAAAAGGGAGATCTG  
GTGTGTTGGCACCAATGGGAAGAAGTACCAAGCGCTGACGGCCATGGAGC  
AGATGGCTTTGTACCCAGCGAGCGGCCCGGCGCTTCGGTGTCTACCTG  
GACTATGAACGGGGTCAAGCTTTGCTTCTACAACGCTGAGAGCATGACCCA  
CATCCACACCTTCAACGCTTCTTCCACGAGCGCATCTTCCCCTTTTTCC  
GAATCCTGGCTAAGGGCACTCGTATCAAATCTGCACCTGATGGCCCTCC  
AGCTTCTGATTTTTTTTTTCCCTTTTTCCCCCTGCCTCATCCTTTGGGT  
CCCCTTTGGGACCAGACGCTGCACTTGTGTCTCGCACCTGCTTGCTCA  
CAAGGCCTCTTCCCTCCTCTCTCCTGTCCCAGCCTCTGTCCACGTCCCAA  
CTCTTCTCCGGGGTCCGATCCCAGGCTGGTTTGGTTTGGAGAAGGGATC  
CAATCTCCTTGTGAGGTTTTTCCCTTCAAGCTCTTGGTGCTATGGGCTCC  
CCTCTGCCTTTCCAGTCTCTCGCAGCAGCTTTCCAGTGTGCTCTTCCCCG  
TTTTGTTTAAAGCCTGTGGTTCGAGCTTTGCGTTGTTTGCCTCTTTGGAT  
GCAGAGCTCGAGCTGAGGATGCTGGGGTCTGTACATTGTGACACGAGCAC  
TGCTTGTGCCCTCTTGGCCATTGCTTTCTGAAAGTCACTCAGATGCACCA  
AGGAGCCTCATTTCTTTTTTATTTTTTCAAGTTCTGGGGCACAACCCTCTGCC  
CACCTCCCACCCAGCCACCATCTGGACCTCAAACCTTCCACGTTCTCCTA  
TTCTGCCACTTGTCC ~~FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 28)~~ TGGGGG  
TCTCCAGCTCTCCCTCTGCCCCATCATTCCCTCGCCAACCATTTCTTGTG

17/110

AGAGGAGGAAGATGAGCTGGGGGAGGAAGAGCTGGACGTGGAGCAGGAGG  
AGGAGGAGGAGGATGGAGGCGGGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGACGACATGTGG  
AGCGAGGAGGAAGAGGATGGAGAGCTGTGGGAAGGTACTGGGGGTTCGGTT  
TGGGCCTGCCCTGTTGAGTGTCTTTATGGATGAGTGAGGGAATTGGGTGC  
ACCCTCAGTCAGTTTGCAGATGATGCTAAGCTGGGGGGGTGTACTGATCT  
GCCTGAGGGTAGGACGGCCCTACGGTGGGGTCTGGACTGGGCCCCGATGGG  
CTGAGGGCAATGGGGTGGAGTTCAGAAGGACCGAGTGCCTGGTTCTGCAC  
TGAGGTCACAACAACCCCATGCAGCTCTACCTGGGGTAGAGCGGCTGAAA  
GCTGTGTGAGGGAAAAGGATTTGGGGGTGAATATGAGCCAGCAAGAGGCC  
AAGAAGGCCCATGGCATCCTGGCTTGTATCAGAAATAGAGCAGCTAGTGG  
GAGCAGGAAGTGACTGTCACTCTGTACTGGCACACCTCAATGCTGCACCC  
AGTTCTGGGTCCCCTCTCACTACAAGAAAGACATTGAGGCCCAGTGAGGA  
TGGTGGGGGTGGACTCAATGATCCCTGAGGTTTTTTCCAACCTTGATGA  
TTCTGTGATTCTCAGACCCCGTGGAAAGAGGAGCTGTGGGATGGAGTGGTG  
CAGGGAGAACTCTACTTTGGGGACGATGATTATGATGAGGATGTGATGGA  
GGAGGATGTGGAGGAAGAGGAGGAGGAGGAGGATGAAGCGCAGAGCCCTC  
CGCCCCCTGTCCTGCCTGCCCGCCCTCGCCGCCTGCAGACCTTCACCTGC  
CCCCAGTGCCGCAAAACCTTTTTCCAGAGGAATTTACAGACCCAACCTCCA  
GTTGGCAAACATGGTGCAGATCATCCGGCAGCTCCACCCGCACCCGCAGC  
GCCTCGCGCCGCCCGCCGGCCCCCTCAGCCTCAGGGGGTCTGGGGGGAAC  
CCAGGGATCCTGGTGGCAACAGGAGGTCCGGGGGTGTCCGAATCTGTGCGA  
GAAGCACCAAGGAACCCCTGAAGCTGTTCTGTGAGGTGGATGAGCAGGCGA  
TCTGCGTGGTGTGCAGGGAGTCACGGAGCCACAAGCATCACAGTGTTGTG  
CCCCTGGAGGAAGTCGTGCAGGATTATAAGGTGGAGTTTGGGGAAGGGTC  
ACGGTGGGATAGTGGGTGAGGTGGGGTTTGGGGAAGGGCTGTGGTGGAGA  
AGGCGGGGTTTGAGGGAAAGAGTTATGGGAGAGTGGAGGCTTGAAGGGAAA  
GTGAGGTTGGGATCAAGCTAGGTTCTGCTTGTCTGAGCTGGTTGGGTGGA  
GGCGTGGGAGGCTGGGAAACCACACACTGCAATGAGGAGGTGGAAGGGTC  
TGGGTACCCATTTCTGCTTAAAAACACCTTCCCAGCACAGTTCCTCAGA  
GAAAGCAAAAGGGGAAGTGGCGTGAAAGTTGGCTCTGAGGTTCCGTTTTCA  
GCTCTGCCACCAAATTAGGGACAAAAAGAGGCGATGACAGAGGGGATTGC  
CCCAGGCAGGGTTTGCTGAGTTGTGTTTCCCTTCCCTCAGTACAACTCCA  
GAGCCATTTGGAGCCACTGAAGAAGAAGCTGGACGCGGTGCTGAAGCAGA  
AGTCGAATGAGCAGGAGAAGATCACAGAGCTGAGGGTAAGAGCTGAAGGT  
TTCTGTGCTTCATAGAATCATAACAGGAGAACCATCAGGGTTGGAAGAGAC  
CACAAAGATCATCAGTTCCAACCATCACCGCTGCTGGGAGTGTGCCTTGG  
TGGCTGAGCAAGGAGAGAGAAGCTTTGCTGCTGCTCTGAGCTCTCACGGA  
GGCATCATATTCCTTTTCTGCAATTATTGGGCTGTGAGGGCTTGGAAC  
GGTTTCCCAGTTGAATTAGAGCTTAATGAGAGCTTTGTGTGCCTCAGTGT  
TGAGTGGGAATTGGTGGTTTGGGAGCTGGTATTCCTCATTGAGTTGAGG  
ATGCTCTACATCTCTAAACCTGTGCAGACTTTGCTCAGTTCTGTCTGTGG  
TGCATTACAGGAGATGCGTAAGCTTATGGTGTGTGGTGAAACTGAGAGAAG  
CATAGCACAGCAGCCCCAAAAATGAGCTGATCTCTCACCTCCCCCTTCTGC  
AGCAATTCCCCTAATGCTTTTCTCCCTCTGCAGGAAAAGATGAAGCTGG  
AAATCAAGGAATTTGAGTCTGATTTTGAAGCTGCTCCACCAAGTTCCTCATT  
GGGAGCACGTGCTGCTGCTGCACCAGCTGGAGGAGCGCTACGAGAGCCT  
GCTGGCCCCGGCAGAGCAGCAACATCAGCCAGCTGGAGGAGCAGAGTGCAG  
CCCTTAGCCGCCTTATCACGGAGGCAGAAAGATAAGAGCAAGCAGGACGGG  
CTACAGCTGCTCAAGGTCTTCTTCCATCCCTTTCTTGTCTTTATGGCAA  
AGCGATAGCACGATGGTGGGAATAATGCTCCAGAAAGCTTCTGTGTCATG  
AGAGAGTGCCTTAGTTGGTGGGCTGGGTGCTTCTCCACCCCTCCTTGTG

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

[illegible]

19/110

AACACGCAGGGCTCGAAGCTGAACCTCTCGGGGTTCTCGGGGAGGTCCTG  
TGGCACCAGTTGGCCCCGGGCTTGTTTTCGGTCTTCAGAGAGATGGAGGT  
TGGGGTGAGCGGTGGTGGGGTCCATGGTGACGTTGGCTGTGGGACATGAG  
GGGGAATGGAGGTAGGATTTAGGCTTGGGGGGAGCTGGAGAGGTTCTCT  
TCCTTCTGTCCTTTTCTCTGGGTGCTTTTGGACATGGGCTGGTGGTGGT  
GTGGGTTGATGGTTGGGCTGGGTGATCTTTGGGGTCTTTTCCAACCTTTG  
TGATTCTATGGGGTGTGTGGGGCTCCACCAGCCTCAGTGTCCCCCAGTAG  
AGATGTAGGAGAATGGGGAGAGGACAAATTTTAGGGCAGCATAATGCGGG  
AGGGACAAAGACATGGGAAGGGGACAGCTTGACATTCACGGAGGGGAAGG  
GGAAGCACAAACACTGTTAGGTTTTGCCTTGAATCTGTTACTGGCTTTGT  
AGGACCACCAGCATCAGGATGCTGTCCCCATTCCCTCCCTTCCCTGTGGG  
ACTGCGTTGTTTTTCCCAAGAAAACCACTCCCCACCCACATCCACCAC  
TGCTGACATACCTGGCTCTTGCAATTGAAACATCAGGCTGTCTGAAAAGG  
AGAACAAATTCATGCAATTGGGTTTATGCTTCAGGAAAAGGGGCTGGGAG  
ATGGGGAAGGGAAACCATGGGGGTCTGGGGGCTTCGCAGTGCAAAGCTC  
TGGGTTTACTGCAAGAGCCCCACGACCCTCCAGACCTGGAGGAGACCCC  
GACCCCATTCAGTACCTTGGCACTTCTGCAGCGTCAGTCTCACCAGGACG  
TTCTTCTGAAGGAAGTCCTCCAACCTTCTTTCCAGAGTGGGGGAAATCTC  
TGCTGGAGGGCTGAACCTCATCATCTCACAGCTGCAAAGAGAGGAGAAGG  
GTGGGGATGGGGGACTGTTGCGTTGGTTGGTTGGCTGTTCATTTTATTC  
TCAATAGGAGAAGCTATGGGGTGAGGATATTTGCACAGGGACGAAATCCC  
TTTCCCCCTGGGATCCCTCTGCCTTGCAGCCCTCCCCCAGGGTGCCATC  
CAAAAATCAGGGTGACAATAGGAAGGAGCCATGTTACCTATTCAAGAGCC  
TCCTGATGTCCTAAAGGTGGGAGGAGAGAGGAGAGATGGATCAGAAGAGG  
AGCACCAAGGGCTGCCCCCTTCGTATGGCAATGCACAGCAAAGACCACCT  
GCCCACGGTGTGATCCCCCCCAGCAGCAACACAGGGAGCTCCCATGGGGT  
TGAGTTTGGGTTCTCAGGGTTTGCTCTGTCCCCCATTTCCCACCACCCC  
TTTGGGTTCTCACCAGCAGGAATTTGCTGTGCGGGCTGCTGGAATTTGCCC  
TCCATCTCCCAGATCAGGGTGTCAAGGTGGGACATCTCCTCCATCACCTT  
CGTCACCGCATCCTCCTGTACTTTGGTGACGGCTCTGTCCAGGTCTGCCA  
GCTGGACCAGCAGGAAGCGCTCCTTCTCCTTCAGAAATCGCTGCAACTGC  
TCGAATTCACACACTATCCTCTTCCCTTCTTCTTGGTTTTCTCCTGTG  
GGATGAGGGAGAAAGCCAATGGGGTGGAATAGAGGCAGGAAGACCCCCC  
TGGGGTCTCAGGATGCCGTGTTCTGGGGGATATCCAACCAAAACCAATGG  
GGATGTAAACCAATGCCAATGGGAGCACAACACTAATGCCAATGGGAAT  
TTATCACCAGTGCCAATGGGAACGTAACAACAGCGCCAATGGGAACGTAA  
CACCAGTGCCAGTGGAATTTATCACCAGTGCCAATGGGAACCTTAACATC  
AAAAAGCCAAAGATCATCTTGCTGGGCATTTGGGAGCAGCAGGAATTTTT  
CAGGAGTTTTATCCCAAAAGCAAACCAAGGAGGGGGTAGGAGATGAGC  
TCTGTATGAGGGATATTTACAGAGTTTAGGAGGATCTGCTACGTTATCTC  
TTTAACACAGGGGTTCTGCGTAACCCAGCTGATAAACACAGCCTTAGC  
GCTTTCCCAGCCCAGCTGCGAGCCAAAAATGCATGATCTGCCCCAAAAAT  
ACACCAAAACAAACAGGACAGGGCGGAGGGGAAGGCAGACACCTCCCCTG  
CTGCACCCACCAATAACAAGCCCGTCCTTCCACCAGTCCTTCTGCTTTCC  
AGGTACTTTTTCCCTCTCCTCCTTTGAAGCCTGGAGGCGAGCCTGAATTC  
TTCCTGTGCCAAAAGAAGAAAGGCGGAAAGCCTGTTTTCCCACTTAAACT  
GCTTCTGTGATGAGGGAGGGCTTTGCTAAAGCCTGGAATCCTCTGCAAG  
GTGCAGAGCTGGGCAGAGGGAAGCTCTGTGAGCACGGTGTGCTGCTCTGG  
AGCTCTGTGCAAGCTGGGAGTATTTTGCAGAGAGAAAAGAGGGGAGAAAG  
GAAGGAAAAACACGTAAGTTTGGCAAGCTAGCAAAAAGCTGCAAAAG  
TGCAACAAAAAATCAGCACTGACAGCTGCCAAGGAGGTGTGGAAGGGC

CAGAAGGAGGCTGTGTGTTTCTGCTGCAATCTGAGCCCTCCCTACTGG  
 GGCTCAGCTTTCCTTCTGATGCAGAAAGTGGAAAATAAAGAGCAGTGGGA  
 CTGGAAATACCAGGGGGGACTCATGAGTGGCATCCCCACTGGAGGAGCT  
 CAATGGTGAGCTGGAATCCTTGCTAAGTTTTATCGAATGTGGGGGACAGG  
 AGGAAGAAATCAAACCTCAAAAAGTTCATGAACAGGTGGCTGTGAATTCGGG  
 GCAGAAAGCTGAGGGCCCTAAAAGCACAGGAGGCCAAAAGGATGGAGAGA  
 AACGACCCTACTGATGACACATCGCTGCCCAGCAGCTGACACCTACCAGA  
 TCCTCCAGGTTTGGGCACTCCAGGGCGCTCTTCTTCTCGGAGACTTTCT  
 CTCTCCTCCTTTGGAAACCCCTGATATCCCTCTGAGTTTCTTCCCCAGTG  
 AACCCACAGAACCTGTTGTTTTAGCCCTTTGATGGGGTTGGGGTTTTCC  
 CTTCTGTTCCTTCCCAGTCTGGGGTAGAGCTATGGGATGGCTGCGTTGA  
 GCCTGCAGGTCTGCTCCTGGTGGCACCCCTTGGCAGGGCGTGCTGGGAGCT  
 CTGGGTTTGTCTTTGTCTTTCTCCAGTTCCTTGTCCCGGGGAGATGCT  
 GAACAATGTCACTTTGCAGATTTTGTGAGCTTCCTTTTAGGATCGAGCCA  
 TCGGGAGTGGGGTTAGGGGGTGTATATGGGGAAACCATAAGGAAATAGGG  
 AAGGAGATGCACAGCCGATCCTTGTGGGGATGTGGAGGAGCACAAAGTGA  
 GGATCTTTGGGATTTGAGTGCTCTCTCAGCCCAGCACTAACACAGAGCAC  
 TCACAGCCCTGGCTCTGAGCTCTCGAGGAAACATTTCCAACCATTCTGC  
 CCCACTGTCCTTGTGTTGAGCCCCATGGCCAAATACACATGCCTAGAAAA  
 TAAAGCCATGCATTACATATGTATTTAATTTTTGCGTGGCAACCACTGAG  
 ACCCAACTGGAGGAGATAACTGCCATTCACTTGGGCAGGTTTGCAGGGGT  
 GAACTGCACTTCCAGCAAACCCTCCCTGTTGGGAAGAGCCACAGGGATGG  
 ATGGCACTCTGGGAGCTGAAGAACTGGAAGCAAACCTCCCTGCAACCGCTC  
 CCCTGGGGCACAGAGCCTTTTCATCCCAAATAAGGCGTCCATCATTGAGC  
 AAATGAGTCACACCGTTGGGCAAACGACTTGCATTGCATCCCGAAAAGCA  
 TTAATTGCAGAGCCTGGAAAACCTAGCTGGGCTGGAAACATCTGCATTGCA  
 GATCTACGGAGCAGAATAGACCCTGAACAGATCCTTCACCCAAATTCCCC  
 AGCAGGTGGGACCAAATGGCAGCGATGCGTGGGGCTGAGGAAAGATACCA  
 ACACATCAAAGAGCAATATTGAAATTTAGCTGTAGGTTTGACCTTTGGA  
 GGTGGTGAGGTGGGGCTTTGTGATGGGATACCCACTCATATCGCATCTGC  
 TATTCTGAGCCTGATGTCGCCTGCTCCCTCCACCTCTTTTAGTTCTC  
 TTCTTGGTTCTACAATCACCAACCTGTGTGATTTTGGTGCTGCCTGTTCT  
 CTCTTTTGGGCTTTCTCAGAAGAAAATGGGTTTTTGGGGAATCCATTCA  
 GGTGAGTCCTCACCCCAAGCAGCTCTTCTTCACTTTGTTGGCCCAAAGCT  
 GACCCAGAGCCATACACCCAAAGCAAACCCAGAGCCGTACACCCATAATG  
 AGGCAGGAAGTGGAGTGTGCAGAGCACATCTTTTAATTAAATAACTAT  
 CAGAAACGTAGGCAGAGACCAGCTCCCCACACCAGGCGTTGCTATTTGCA  
 GTGAAAGGCCGCATACCTTTGCAGGACACCCAGATCTGCCCCACGATTG  
 ATGTCAAATAGATGCATAAATTTCTTCCAAGTCTTCAGTGCTCTCTGGT  
 GGTTTCCCCACCCTGCAGAGGGACCGCCCCGGGGCTCCCAATGGGGACAG  
 ACACAGGGCAGAGCAGCGGGTCCCCTTGGCACATTGCTCCAAGCAACCAC  
 AGCACACATCCCATCAGATGCCCTTTTCATAAAGGACATCTCAAGGACAG  
 ATCTTTAGGGGAGATCTAAACCCAACCCAATCCAAATGGGACATCAGCTG  
 CCCACTCGTGGACTGCTCCTCTGAGGGGGGATTTTGGGTGATCTCTTGCA  
 AGCGAGCCCCCAGCCCTATCTTGAACAAGGGGAGGACCTTCTCCCCATTG  
 AACAAAGCCCTGGTGTACACCAAGATGGGGGTGTCATCATCCGAGCTGAA  
 GAATGCCACCCGACCCCCCTTCGTAGTCCAGGGAGACCCGAATCCTCCTGG  
 GAAGTGCATTACAGACGTAGGTTGGCACGGGGAGACGTGAGGGAGTGGTAG  
 GCCTCCAGCGCCCAGACACCTCTTTGGGGCTGAAGCTCATGGGTCCCTT  
 CCTCTTCATCGAAGC**FEUICLEDEREMPLACEMENT(REGLE26)**CCCCCTGTC  
 CCACCTCCACCTCCCAGAAATGCCTCCCCGAGGTGAAGCCCTGGCAGCCC

21/110

ACAAAGATGAGCCCCCTTCATCAGCATCAAAAAATGCCACCGTCCCTCC  
AGCGTAGTCCAAGTGGACGCTGACCTCCTGGGCACCCAGCGCAGAGCTA  
ACAGGGTCACCTTGTGGGTGGTGAAGTCCCCGGACCTGTCCCCCCCATTTC  
TCCACCCCCCAAATCCCCCCTTTGGGACAGAGGCTGAGTTGACCTTCCG  
AGGGATGGATTCTCGGGCCACACCGATGGCCCAGTCCCCTTCATCCCCCA  
CTTCCACCTCCCAGCAGTGCCGGCCGGCAGAGAAGCTTTGGTGGCCCAA  
ACAAAGGGCCAGTAGGCGAATCTTTCCGGGGTTATCAGGAAGGTCTGTG  
TCCTTCCCCACGTTTCACTCTTTCCGGTCTTCCGAGAGGATGAGGTCAG  
GGTGAGCGGTGTCCGGGTCCAGGGTGATGCTGGCTGTGGGGTGGAGAGGA  
TGAGGAGTGTAAGGTTTGGGTCTCGGTGCTGAGGCCATGAGGATGCGGA  
GAGCTTGGATCTCCAGCACTAAAGGAGTTGGATGTGCTCTAGATGGCCCC  
ACCTGAGTAGGGTTGTAGGGTGGGACCGTCCCTTCCAACCTCAGCCATTC  
TGTGGGGCCATGGGTGGCATCGGAAGGGTAAAAAGTACCAAAGAAGAAA  
GTAAAAAGGTGAGAGGTGGAAACCCCTCTCATGTGCCCGTGCTATATGAC  
AATAAAAGTGTTTTGAGCCCCAGAATGCCAGAAATAAAGGCGTTTCTG  
CAGACCTTCTGTTCCATTGGTCAAAGAAATGGTGAGGGGAATAAAATG  
GAAGGAAGGAGATCTATGGGATATTACCTGCAAAGTCTGCAGTGCTTCAT  
CTCCTAGACCAACCCGGACAGTTCAAGCAACCCCATGGTTTAAAAACA  
GAGCTGAAATCTGAAGGCAGGGATAATGAATGAGTTCAACCCGCTCACCA  
TATTTGTTTATGGGAAATGGATATTTATCAAGGCGAGGGATCTGCCCTGG  
GGCCATCATCCCAAATTACAGCCAGACTCGGCCTGCAGGGTGAAGAAAAC  
TTGTTTGGCTGCCCTGATTTTTGTGTATTCTCCTCCCTCGGCATCTATTTTT  
GTCCATTTGGGTACAGCCTATGGGTCCAGGCGCGCCTCCATCTAACAGGT  
AATGCGGCTTTAGGTTCTCATGCTCAGCAAAAGGCACTTTTAGGAAAGGT  
GAAGCTGGAGGGGTGCAGAGCCGGAGAGCAGCCCGTCTTACCCCTGAG  
CACTTCTCAGGAATTACAGCAAAACGTGTAATTAAGAGTGGCAAACGGGG  
TATCGAGTCCTTCGGGTCTCAATTATTTTCTGAGTGGAATAACCCGTT  
GCTCTTCCATCTCTCTGCATTATTCTGCTGCAGAACGAGTGATGGGCTGC  
TGGTTTTACCAAAAATAACCACATTTCCACCCGAAACCCCTTCTGAGTAC  
CTTGAAGCCTCTTCAGGGTTTCTTTCAGAGCACCGTTCTCCATGAGGAA  
TGGCACAGCCTCTCCTCCGGCCCTGGAGAAGCGCCCGCTGGCAGCTGGAA  
GGTCACTTTTCCACACCTGGAGGGGAAATAAATGCATTTTCAGGTGGTTG  
TATCACAGAGCATGCCATCACTTCAGGACAGCAGAGGCCAGCACACGGCG  
GCCATCCCCAAAATACCCTTCAGGGCTCGCAGTTCCCTGGAGCAGAAGA  
GCATTCAATTGATGAGCTTTCTCCTCCATGGTCACTGCCTGATGCAAAGCT  
CACAGAACAGCTTTTCAGAGAGGCCACATACCTGGTGATGGGGCTTTTCA  
CATCCTGGGGACAGAAGAGAGGAGGGGGAGAGGAAACTCAGGTCAGTGCA  
TGACCCATTTTGTCTTTAAAGTATGGAAAATTGAGCTGTTTGAGTGGGGG  
TGGACCTCTTGGGTCTTCCAACATGTGCCCAATTTTGACTTTAAGTCATA  
GAAAAAGTGAATTGTTTGACTGGGGATGGATCTGTTGGGTCTTTCAACAC  
ATGGTCCATTTTGTCTTTAAATCATAGAAATAAAGAATTGTTTGACCAGA  
GATGGACCTCTGGGGTCTTCTCCACGAGGAAGGTGAACCAACTGAGGAG  
CATCCATGCACGGCAATGAATCCTGCAGATCCACCCCACTGCTGCTCTCC  
CAACCCAGCCGTGGATTTCCTCTTAAACAGACCCCATGAGGACCTTC  
TGCAGTAAGGTGAAAATACTGGGAATACTGAGATGAGGATAAAACGGTGG  
GGGGAAGAGAGGAGGCTGCAAACCTCCATCTCCTCATTGTGGTGGGGGTTT  
CAGGCTGATGGAACGGCATAAAATGGGAGGAAAACACCAATTAAGGCAC  
CATGCAATTGGTGGGGTGGGGAGGACATCCCTAAAGGACTTTTCCCCTT  
GAAAAAGCTTCCCTGGAGGAATCACTACCGACTGCTGGCTCTTCTCTC  
CCTGTGCTTTTGTATGAGGGGGGAAATCTGCTCCGAGTGGCTGGCGGTG  
CTTTTCTGCCTCTTCTCAATCTCATTTCAGGCTTCCAGCTGCCAGAG

22/110

TCGATCAACGTTTCAATGTTGGTATCAACACCAGGTTTAACTTTGAACTT  
ATCGGCACTGACGGTTACCTTGTTCTGCGCTGGCTCATCACGCTGGATAC  
CAAGGCTGATGTTGTAGATATTGGTCACCGGCTGAGGTGTTTCGATTGCC  
GCTGCGTGGATAGCACCATTGCGATAGCGGCGTCCTTGATGAATGACAC  
TCCATTGCGAATAAGTTTGAAGGAGACGGTGTACGAATGCGCTGGTCCA  
GCTCGTCGATTGCCTTTTGTGCAGCAGAGGTATCAATCTCAACGCCAAGC  
GTCATCGAAGCGCAATATTGCTGCTACCAAAACGCGTATTGACCAGGTG  
TTCAACGGCAAATTTCTGCCCTTCTGATGTCAGAAAGGTAAAGTGATTTT  
CTTTCTGGTATTAGTTGCTGTGTGTCTGGTTTCAGCAAAACCAAGCTCG  
CGCAATTCGGCTGTGCCAGATTTAGAAGGCAGATCACCAGACAGCAACGC  
GCCACGGAAAAACAGCGCATAACAGAAATCCGTCGCCGCGCCGGACAACG  
TGATAATTTTATGACCCATGATTTATTTCTTTTAGACGTGAGCCTGTGCG  
CACAGCAAAGCCGCCGAAAGTTAACGGTTTGCCAGGCTCACAACCTGAAA  
GACTTTCTACGGTGTGCGCGTGCATGCGCGTAGAAGACTGATTTATCAA  
CCTGTCTTTATATCAGGATTCATTACCTGACTATTTGTGGGTAAAGTTCG  
TAGTGCGCTGATCGTGCAAAATGATTTTAGTTGGGAACAGTTCGCAACTC  
TGTCCCATAAAAATCAGCATATTCCCATCTATCCCATATCCAGCGCATTG  
ACCATCGGGATACTGAAGGGAGATTCCATCATCTCTTAGAAAGATCACCA  
TCTCTTTTGTTCATTTGCATATAGCTACCTGGAGGATTTATGAATACA  
AGGATTTTTCATGGACTATTACCATGAGATTGATTTTCCATCTTTATTCGC  
GAGAGCAGTGGAAGCGATGACGATGTGGGTACTACATTGCGCATTACCC  
TACTTTGTGAGCGCATGGTTCGAAGCATGGATATGCGCATGCTGTGACTGC  
CAAGATCCTCTACGCCGGACGCATCGTGGCCGGCATCACCGGCGCCACAG  
GTGCGGTTGCTGGCGCCTATATCGCCGACATCACCGATGGGGAAGATCGG  
GCTCGCCACTTCGGGCTCATGAGCGCTTGTTCGGCGTGGGTATGGTGGC  
AGGCCCGGTGGCCGGGGGACTGTTGGGCGCCATCTCCTTGATGCACCAT  
TCCTTGCGGCGGCGGTGCTCAACGGCCTCAACCTACTACTGGGCTGCTTC  
CTAATGCAGGAGTCGCATAAGGGCATCGGTGACGGGATCACGTTGTGTC  
CCTGAAGCTCTCCTGTACCCAAACACAAAGGTGATGTCCCAGCATCCCT  
ATCCCAGCACTCTGGGGGACTCCTATTGAATTCCTCCTTGGGCTTGCTGC  
CTTCTCTTCCCGTTCCAGAGATCCCAAAAGGTAAAGCACCTTTGGGTCA  
GTGTTGAGAATTGTCACTGCCAGTTTTGGGGTATCAGTGGCAAATTGAGA  
CCCTTTTACCCAATCTTGACCACTCTGGTTCCCCAGTCTTATGGTTTTA  
GATGGAGTAAAAAGGTTTATATGTCATAAAGTTCTTCTGTGTCTGGTTAT  
TCGCTGCTTCTGGATGCCAGGATCATGGGGATAAGGGGAAAAACAATGGGT  
TCTCTTATGCGTAGAGATGCAATCAGATGGGGAGAAAAAGAAATCTTAAT  
CTTTCTGATCCATCTGACAGATATTAGTACAGCCCTGAGGATGTGGGGA  
AATAAATCTNTRAGAGTTKGTKGGCAGTTCCAAGGATTTGGGAATGACTA  
AATCCCATTCTGGKKWYTGACAAAGTTGSCTGTGTTGGAACCCAGAAA  
GATCCATGCAAGTGGGTATCCCTGAAAGCATTGTGTTCTGCTGTCTGCT  
AGCGGAGAGAAAGACACAGAGGGGAAAAATTAAGTGTTTTATTGTTAATTA  
TTGTACACTCTGAGGTTTCAAATACCAAATCTTTAACGAGAGCGGACCAC  
TTGATTTGAGGGTGACCATCTCAGATGGGGACAACCTGTACCTGATCAGGC  
AAACCTGGGGGAAATTTGCCCTTCTGCCACTCTTTTGGGTGGGATTTTCC  
CTTTTGACCACCATTTTCTACATTCTAATCACCCATTGCAGCACTTCTCC  
CCCTTTTTTTTTGCCCCATTTTTCTCCTGCTCAGCACTTCTTAACAATATA  
ATATAAATCAATATCATATCAATATGATTCTATGCCAATAGATTAATGGG  
GATGAAAGACACATAAAAACCCAAGTCCTCATTTTCATCTGCTTCCCATGG  
GATGGGTGGGGAGGTGGCTGTCCCTGAGGCTGTAGGATGTGGGGTCAAC  
CTTGTCTGTGTCTCAGGACACAGCCTCAGCTTGGACCTGACCCCTACCA  
CCCACAGCCACGGACGGACCTCTCCCCAGAGAGGATGATGGGAAAAA

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

CGGTACGCCCATTTCGCGCCAAAGCTCTTACAGCAATATCAACGGGTAGCCAA  
CGCTATGTCCTGATAGCGGTCCGCCACACCCAGCCGCCACAGTCGATGA  
ATCCAGAAAAGCGGCCATTTTCCACCATGATATTTCGGCAAGCAGGCATCG  
CCATGGGTACGACGAGATCCTCGCCGTCGGGCATGCGCGCCTTGAGCCT  
GGCGAACAGTTCGGCTGGCGCGAGCCCCTGATGCTCTTCGTCCAGATCAT  
CCTGATCGACAAGACCGGCTTCCATCCGAGTACGTGCTCGCTCGATGCGA  
TGTTTCGCTTGGTGGTCGAATGGGCAGGTAGCCGGATCAAGCGTATGCAG  
CCGCCGCATTGCATCAGCCATGATGGATACTTTCTCGGCAGGAGCAAGGT  
GAGATGACAGGAGATCCTGCCCCGGCACTTCGCCCAATAGCAGCCAGTCC  
CTTCCCGCTTCAGTGACAACGTCGAGCACAGCTGCGCAAGGAACGCCCGT  
CGTGGCCAGCCACGATAGCCGCGCTGCCTCGTCTTGCAGTTCATTACAGG  
CACCGGACAGGTCGGTCTTGACAAAAAGAACCGGGCGCCCCCTGCGCTGAC  
AGCCGGAACACGGCGGCATCAGAGCAGCCGATTGTCTGTTGTGCCAGTC  
ATAGCCGAATAGCCTCTCCACCCAAGCGGCCGGAGAACCTGCGTGCAATC  
CATCTTGTTCAATCATGCGAAACGATCCTCATCTGTCTCTTGATCAGAT  
CTGCGGCACGCTGTTGACGCTGTTAAGCGGGTCGCTGCAGGGTCGCTCGG  
TATTCGAGGCCACACGCGTCACCTTAATATGCGAAGTGACCTGGGACCG  
CGCCGCCCGACTGCATCTGCGTGTTTGAATTCGCCAATGACAAGACGCT  
GGGCGGGGTTTGTGTCATCATAGAACTAAAGACATGCAAATATATTTCTT  
CCGGGGACACCGCCAGCAAACGCGAGCAACGGGGCCACGGGGATGAAGCAG  
CTGCGCCACTCCCTGAAGCTCCTGCAGTCCCTCGCGCCTCCGGGTGACAA  
GATAGTGTACCTGTGCCCCGTCTTGGTGTTTGTGCGCCAACGGACGCTCC  
GCGTCAGCCGCGTGACCCGGCTCGTCCCGCAGAAGGTCTCCGGTAATATC  
ACCGCAGTCGTGCGGATGCTCCAGAGCCTGTCCACGTATACGGTCCCCAT  
TGAGCCTAGGACCCAGCGAGCCCGTCGCCGCCGCGCGCGCCGCCCGGG  
GGTCTGCGAGCAGACCGAAAAGGTCACACTCTGGGGCGCGCGACCCGCC  
GAGTCAGCGGCCCGCCAGTTACCACCCGCCGACCAAACCCCCGCCTCCAC  
GGAGGGCGGGGGGGTGCTTAAGAGGATCGCGGCGCTCTTCTGCGTGCCCCG  
TGGCCACCAAGACCAAACCCCGAGCCGCTCCGAATGAGAGTGTTTCGT  
CCTTCCCCCTCCCCCGCGTCAGACAAACCCTAACCACCGCTTAAGCGGC  
CCCCGCGAGGTCCGAAGACTCATTGATCGATCCGGAATTCTCATGTT  
GACAGCTTATCATCGATAAGCTTTAATGCGGTAGTTTATCACAGTTAAAT  
TGCTAACGCAGTCAGGCACCGTGATGAAATCTAACAATGCGCTCATCGT  
CATCTCGGCACCGTCACCTGGATGCTGTAGGCATAGGCTTGTTATGC  
CGTACTGCCGGGCCTCTTGCGGGATATCGTCCATTCCGACAGCATCGCC  
AGTCACTATGGCGTGCTGCTAGCGCTATATGCGTTGATGCAATTTCTATG  
CGACCCGTTCTCGGAGCACTGTCCGACCGCTTTGGCCGCCGCCAGTCC  
TGCTCGCTTCGCTACTTGAGCCACTATCGACTACGCGATCATGGCGACC  
ACACCCGTCTGTGGATCTGCCTCGTTGGCCTGCCGCAGTTCTTCAACCT  
CCCGGCGCAGCTTTTCTGTTCTCAATTTACGCATCCCTTTTCGGCATACCAT  
TTTATGACGGCGGCAGAGTCATAAAGCACCTCATTACCCTTGCCACCGCC  
TCGCAGAACGGGCATTCCCTGTTCTGCCAGTTCTGAATGGTACGGATAC  
TCGCACCGAAAATGTCAGCCAGCTGCTTTTTGTTGACTTCCATTGTTTAT  
TCCACGGACAAAAACAGAGAAAGGAAACGACAGAGGCCAAAAAGCTCGCT  
TTCAGCACCTGTCGTTTCTTTCTTTTTCAGAGGGTATTTTAAATAAAAAAC  
ATTAAGTTATGACGAAGAAGAACGGAAACGCCTTAACCGGAAAAATTTTC  
ATAAATAGCGAAAACCCGCGAGGTGCGCGCCCCGTAAACAAGGCGGATCGC  
CGGAAAGGACCCGCAAATGATAATAATTATCAATTGCATACTATCGACGG  
CACTGCTGCCAGATAACACCACCGGGGAAACATTCCATCATGATGGCCGT  
GCGGACATAGGAAGGCGACTTCATCCATCCCTTTCTGCTGCTGCCATTT  
GCTTTGTGACATCCAGCGCCCGCACATTCAGCAGCGTTTTTCAGCGCGTTT



24/110  
Figure 6

DM

GCACAAGGAA ATGCAAAGGG GCATCACTAG GGGACATGGC ACGGGGCATT  
 51 CTAGGGAGCA TTGCATGGGG ACATTGCAAA GGAAATGCAA AGGGACATTG  
 101 CATGGGGACA TTGCAAACAA ATTGAGTGGG AGATTGCACC GGGATGTTGC  
 151 ATGGGGACAT TGCATGGAAT GTCCACCAA CCACCCTGCA GGGTGACACT  
 201 GGGACCATCC CCAGCTCTGA CCATCCCCC TTTGCTGCAG CACCACCCCA  
 251 GGTCCGCATC GTCCCCATCC CCATCTCCAA CGACCCCGAC ACCGTCCACC  
 301 TCATCTGCCA TGTTTGGGGC TTCTACCCAC CCGCAGTGAC CATCCAGTGG  
 351 CTGCACAACG GCCTCGTGGT GGCCTCAGGT GACACCAAAC TGCTGCCCAA  
 401 CGGGGGACTG GACCTACAGG ACACAGGTGG CCCTGAGGGC CAGCATTGCA  
 451 GCAGGGAGCA CTAAAACATG TTCAGTGTGG CAATTCCAGC TTGGAGCAGC  
 501 CGCTGCAGGA GGATTGGAGT GAGTTTGGGG ATGGGGATGT GGCACCCACA  
 551 CCCCACAGTC CCCCACGGTT CATTGTGCCC CACGCTGTCC CCACAGGTCC  
 601 CAATTTGTCC CCGGCGATGA TGGTGAAGGT GGCAGTGGCG GCCATGGCGC  
 651 TGACGTTGGG GTTGGTGGCA CTCAGCGCCG GGGTTTTTCAG CTTCTGTCAG  
 701 CGGCCACGGG GTGAGGGATG GGGATGTGGT GCTGGGGACA TGTGTGACAC  
 751 CGAGGGTCTG GTGTCCAGTG TGGGGTGTAC CTCCTCATTC ATCATCTTCT  
 801 GTGTGGCAGC TCCTGGCGCT GGTCCCACTA CCCCCTCCTG ATGCGGGTTC  
 851 TCACTCCAAT CCTGGTCCCC AAAATGATCC CGGTCCGAGT TCTGGTCCCC  
 901 ATCCCAGTCC TGGACCCCAT CCCAGTCCTG GTCCCCATTC TGGTCTTGGT  
 951 CCTGGTCCTG GTTCTGCTCC TGGTCCCTAT CCCTGACTCT GGTCCCGGTC  
 1001 CCCATCCCGA TGCCAGTCCC AGTCCTGGTC CCCATCCTGG TCCTGCTCCT  
 1051 TGGTTTGGGG ACCTCAATGA CTGGAATCC CATGTCCCAA CATGGGGACC  
 1101 CACAGTTTGG GGTGAGGGGC TCTACCCCC CAATAAAACC ATCTGCAGCC  
 1151 CCAACCTCGC TCCAATTCTT CGTTCCCACG TTGGGTGGGT CGGGCTCCCA  
 1201 GTGCTCCAG CCGTNTATGT CCCGTAAGCG TCGGCTCCAC TGCATAAAAA  
 1251 GAAAAAAAAA AAA

25/110

Figure 7

Séquence Génomique TAP1

(Du début de l'exon 2 à l'extrémité 3')

GGC GAG ATG GCC GTG CCC TAC TAC ATG GGG CGA GCC AGC GAC TGG GTG GCC CGC GAG GAC AAG CTG GCA  
G E M A V P Y Y M G R A S D W V A R E D K L A  
  
GCC ATC CTG CCC ATG GTG CTG GGC CTC AGC AG GTACTGGCATAGGGGGGACGCGGTGCGGGCAGGGGGCAGCGCG  
I L P A M V L L G L S S  
  
GGACCCCTGACACCCCACTGCCGTACAG C GCT GTT ACT GAG CTG GTG TGT GAT GTG ACC TTC GTG GGG ACA  
A V T E L V C D V T F V G T  
  
CTG AGC CGC ACG CAA AGC CGC CTC CAG CGC CGC GTC TTC GCC GCC GTC CTG CGG CAG AGC ATC ACC GAG  
L S R T Q S R L Q R R V F A A V L R Q S I T E  
  
CTG CGC GCC GAT GGG GCC G GTGAGGGGCACCGGGTGGAGGGGACACGGGGATAGGGACAGGGGTGGCACTGACGGCGCTG  
L R A D G A  
  
TCACCCGGCAG GG GAT GTG GCC ATG CGG GTG AC G GAT GCG GAG GAC GTG CGC GAG GCG CTG GGC AAG  
G D V A M R V T R D A E D V R E A L G K  
  
GCG CTG AGC CTC CTG TGG TAT CTG GCA CGC GGC CTC TGC CTC TTT GCA ACC ATG GCC TGG CTG TCC  
A L S L L L W Y L A R G L C L F A T M A W L S  
  
CCG CGC ATG GCG CTG CTC ACC GCG CTG GCG CTG CCA CTG CTG GCA CTG CCC AGG GCT GTG GGG CAC  
P R M A L L T A L A L P L L L A L P R A V G H  
  
TTC CGG CAG GTATGGGCTGTGTCTGCACCTCCATGTGCTTTGCTCCCTCCATGTGCTCCCTCCATGTGCCCAGTGTC  
F R Q

26/110

ACCACCATGTAATGCCCCTATCCATGTGCCACTGTCCCTCCATGTACCCACCATCCTCTCTGTCTCCCTCTGTGTGACCGGC  
 TGTCCCTCCACGTGCCCATGCCCTTCCATGCGTCCACCATCCGTGCCATGTGCTCATTTATTCCTATGTGTGACCATTTATCCCTTCCA  
 CATGGGTCTGTCTGTCATGCCCTCCACTGTCACCTCCACATGCCCTCCCTTATGTCCCTCCCTCCCTCCACGTGTCTTTG  
 TTCCCTCCATACATGCACTGTCCCTCCACGCCCTCCCTTCCCTCCCTCCCTGCAATGACACTGCTGTCCCTCCAG GCC CTG GCA  
 A L A  
 CCA CAG ATG CAG AAG GCG CAG GCC CGG GCC AGC GAG GTG GCA GTG GAG ACC TTC CAG GCC ATG GCC ACT  
 P Q M Q K A Q A R A S E V A V E T F Q A M A T  
 GTG CGC AGC TTT GCC AAT GAG GAT GGG GCA GCT GCA CAC TAC CGG CAG CGC CTG CAG CAG AGC CAC CGC  
 V R S F A N E D G A A A H Y R Q R L Q Q S H R  
 CTG GAG AAA AAG GAT GTG GCC CTC TAC ACT GCC TCT CTC TGG ACC AGT GGT GTATGGGATGGGTGGCTCAAT  
 L E K K D V A L Y T A S L W T S G  
 AGCATGGGGACGTGATGGGATGGGGCTGGGGATGTGGGACATGATAGGATAGGACTGGGGGACATGGGACATGGTGGATAGGGCTGG  
 GAGATGTGGAGACGTGATGTAATTGAGATGTCAGGAGATGGGGACAGAAATGCCAACGGGCTGGAGGCCATAATGTTGGAGATGGCAGGT  
 CATGGGAATATGATGGGACTGTGGGACATAGATTGATGGCATGGGACATCAGGATGTAGCAGGGCACACACAGTTCAGGGGCTCT  
 GGGGACAGGAGGATGCACGTGACGTGGGAATGGGGCGCATGGGGCTCCAGGACACTGGGAACATGATGGCATGAGGGGACATAGCACAGAG  
 ATAGCACAGCTGTGGGACACTGGGACAGGGGGGACATTGACAGAACAGGAGGTGACAGAGTGGTGGTGGGACTCAGAGTCCCAGGGGGA  
 GGTGTCCCTGGTGACCTCATGGCATCCTCAG TTC TCA GCC CTG GCC CTG AAG ATG GGG ATC CTC TAC TAT GGG  
 F S A L A L K M G I L Y Y G  
 GGG CAG CTG GTG GCC GCG ACC GTC AGC ACT GGG GAC CTC GTC ACC TTC CTC CTC TAC CAG ATA CAG  
 G Q L V A A G T V S T G D L V T F L L Y Q I Q

FIGURE 7 - SUITE 1

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

27/110

Figure 7

TTC ACT GAT GTC CTG GAG GTGAGCCTGAGAGGATGCCCATATCCGCATGTCCCCATGTCTCCCTGCCACAGTCACAGTGTGTGCA  
 F T D V L E  
 CAGTGTCCCTGTGTTCCCTACATCCTCCCTGCTGTGCTCCAGGCCAATCGCAGTGTGTCCCCATGCCCATCCATGTCCCTGTGTCCCCCAG  
 TCTAACCTCTGTGACCCCTGCCACATCCCTGTGTACCTCTGTGTCCCCATACCTACCCCGTCTGTCCCTATGCCAATCCCACACTGTGT  
 CCTCTGCGTCCCCATGTACCATGCCACATGCCCTTGGCCCTCCTGGCCACGTCACGTACGCTGTCCCCAG GTC CTG CTC GAC TAC  
 V L L D Y  
 TTC CCC ACA CTG ATG AAG GCT GTG GGC TCT TCG GAA AAA ATC TTT GAG TTC CTG GAC CGG GAG CCA CAG  
 F P T L M K A V G S S E K I F E F L D R E P Q  
 GTC TCA CCC TCA GGG ACA ATG GCA CCC GCT GAC CTG CAG GGC CAC CTC CAG CTG GAG GAT GTC TGG TTC  
 V S P S G T M A P A D L Q G H L Q L E D V W F  
 TCC TAC CCT GGG CGC CAG GAA ACC CGT CCT CAA GTGGGCACAGACACAGCCAGGGGACACGGGGGTGTGGTGGGACA  
 S Y P G R Q E T R P Q  
 GCGTGACAGGTGTGGAGCACAGTGGGGTGATTACAGGGACATGGATGTGATGGACAGGGTGTGAGGATATGAACAAGGAGATACATGGAGG  
 GGGTGGTATGGGACACTGGAGAGGGACATGAGATCATGGTATTGAGGGCGGGGACATGGCAGATGGTGGGTTTGTGGCACTGGGACAT  
 GATGAGTGACACAGAGACATGGTGGGGAGGGCATGGGAATGTAGAGGCCGTGTA  
 GGG GTA TCA CTG GAG CTG CGC CCC GGG GAG GTG CTG GCA CTG CTG GGA CCC CCG GGC GCA GGG AAG AGC  
 G V S L E L R P G E V L A L L G P P G A G K S  
 ACT CTG GTG GCC CTC GTG TCC CGC CTG CAC CAG CCC ACG GCC GGC CGC CTG CTG CTG GAT GGC CAC CCC  
 T L V A L V S R L H Q P T A G R L L L D G H P  
 CTC CCC GCC TAC CAG CAC TCC TAC CTG TGC CGC CAG GTGAGCAGCCACATGTCCCCATGGCTCCTGTTGTCCCCCTG  
 L P A Y Q H S Y L C R Q

FIGURE 7 - SUITE 2

28/110

TGTCTCTTGCAATATCAGCAGGCATCCTCATTTGAGTCACCCAGATATCTGGTCCCGCAGCCATCACCACACACCCCTGATGTCTCTGCCATATCA  
 CCACTGTGTCCCCCTGCAGTGTCCCGGGCCAAAGTCCCCAACCATCTCTTGTGTCCCCAACCATCCCAACCATGTCCCCAGATGTCCCTGCACACAT  
 CCCCAGGCATCCCCACCGCCTCCCACTGCCACGTTGCCCATGTTCCCCAGCTGTCCCCCCCCACTGCAG GTG GCC GTC GTC CCC CAG  
 V A V V P Q  
 GAG CGG CTG CTT TTT GCC CGC TCA CTC CAC GCC AAC ATT TCC TAT GGG TTG GGG GGC TGC AGC CGG GCA  
 E P L L F A R S L H A N I S Y G L G G C S R A  
 CAG GTG ACA GCG GCC GCG CTC GCG GTG GGC GCC CAC GAC TTC ATC ACT CGC CTG CCC CAA GGC TAC GAC  
 Q V T A A A R R V G A H D F I T R L P Q G Y D  
 ACA G GTAAGCTGTCCCCCTTCTGTTCGGGGTCCCCCTCCATGGTCCCTCCAGCCTGACCCCGCTCGTCCCCGCAG AG GTG GGC  
 T E V G  
 GAG TTG GGA CAG CTC TCC GGG GGG CAG CGG CAG GCG GTG GCC ATT GCC CGT GCA CTG CTG CGG GAC  
 E L G G Q L S G G Q R Q A V A I A R A L L R D  
 CCC CGC ATC CTC ATA CTC GAC GAG CAC ACC AGC GCC CTC GAC AAT GAG AGC CAG CAG CAG GTGGGATGTC  
 P R I L I L D E H T S A L D N E S Q Q Q  
 CCCCACGTCCCCCGTGTCCCCACATCCCCCTGAGCCCTGTGTCCCTCAGATTGCACGCCCTAGTCCCCCATGGTCCCCCTGTTCTGGTGTCC  
 CTTATCTCCACTCCTGGTGTCCCTCGGTCCCTGGCAGTGGCTCAGGAACATCCCCCTGAACCGTTCTCCTCCACAG GTG GAG CAG  
 V E Q  
 GAG ATC CTC GCA GCC AAA GGG TCG GGG CGT GCA GTG CTG ATG GTG ACG GGG CGG GCA GCC CTG GCG GCG  
 E I L A A K G S G R A V L M V T G R A A L A A

FIGURE 7 - SUITE 3

29/110

Figure 7

CGG GCA CAA CGA GTG GTG GTG TTG GAG GGG GGA GAG GTG CGG CAG GAG GGA CCC CCC CAC GAG GTG GTG  
 R A Q R V V V L E G G E V R Q E G P P Q E V V  
 CGC CCC GTC AGC CTT NTT GCG GGA CTG GGG ACA ACA AGG GAG CAC CGG GGG AGG GGG ACA GAG GGA TAG  
 R P V S L ? A G L G T R E H R G R G T E G \*

CGGGAGTTTGGATGGGAGGGCAGGGGGTGGGTGGGATGGGATGGGACACTGCCGCTTGGGGACACTGAGGTGGAGGTGGGGACAC  
 CGGGGCAGCAACAGGGACCACAGAGCTGTGCCGTGGGCACATGGATGCCGAGCCGGCCGCTGCCGTACCGCTGCTGTACGACACACA  
 ACGGCCACAGCATGGACTGCAGTGCCACTGAGTGCCACACAGGGCCGGGGTGGGACACAGAACTGGGAATAAAGCCGCATGTTGT

FIGURE 7 - SUITE 4

30/110

Figure 8

TAP2G

-213  
 CGCCATACATTNTGGCCTGTCTATGCACGGTGNTAATGGCCGACCTGGCCNCTCATGTTGCCCTGGCCCNCTTCTTCCAGCACTGGCCCA  
 TTGGGCTGGTGGC -107  
 -106  
 TCCTGGCGGAGCGCGGCTGCGCCTCCTGGTGCTGGGGGGCGGGCAGCTGCTGGCCCCAGGGGACCCCGTGGGGCTGCAGTGCTGCT  
 AGCATGGCCCCGCC 0  
 +1 ATCTTCCTGACCCCTACGGGGCTATGTAGGTCTGCCTGGAGCTCCCCCGGTGCTGGCC ATG GCA ACG CCG TC  
 TGG CTG GTG CTG ACC CAC +93 5'UT  
 W L V L T H M A T P S  
 +94 GGG ACA GCT GTG GTG GCA TTG CTC ACC TGG AGC CTC CTG GTC CCC ACT GTG GCC ACT GGG  
 GCA AAG GAG GCA AAG GCC TGG +174  
 G T A V V A L L T W S L L V P T V A T G  
 A K E A K A W  
 +175 GTG CCC CTG AGG CGG CTG CTG GCG CTC GCG TGG CCC GAG TGG CCG TTC CTT GGC TGT GCC  
 TTC CTC TTC CTC GCA TTG GCT +255  
 V P L R R L L A L A W P E W P F L G C A  
 F L F L A L A  
 +256 GCA CTG GGT GAG ACC TCA TTG CCC TAC TGC ACC GGG AGG GCT GTG GAT GTC CTC CGC CAG  
 GGG GAC GGC CTC GCC GCC TTC +336  
 A L G E T S L P Y C T G R A V D V L R Q  
 G D G L A A F  
 +337 ACC GCT GCT GTC GGC CTC ATG TGC CTG GCC TCT GCC AGC AG  
 GTAGGGACCCACATCCCTCCACAAACCCCATCCACCTCTGGTGTGCT +429  
 T A A V G L M C L A S A S S

31/110

+430  
GGTGGGTTGGGGTCTCTGTCCATATCTGGGGGTCTGATGGGTTCTGGGCACTCCACTGACCCCTTTGTGATGTCTGAAGGGTTCTG  
GCTCTCCATGACCC +536

+537 CTGATGGGTTTGGAGTCGCCGCCCAATTCCTTCCCAG C TCG CTG TTT GCC GGC TGC CGC GGT GGC CT  
TTC ACC TTC ATC AGG TTC +624  
S L F A G C R G G L  
F T F I R F

+625 CGC TTC GTC TTG CGC ACC CGC GAC CAG CTC TTC TCC AGC CTG GTG TAC CGG GAC CTC GCC  
TTC TTC CAG AAC ACC ACA GCA +705  
R F V L R T R D Q L F S S L V Y R D L A  
F F Q N T T A

+706 G GTACAGACTGGGGCACTTTTGTCCCTGTCCCCACACCATACCCCCAGCTCACCCTCACTCAACTCCACAG CT GAG  
TTG GCC TCC CGG CTG ACC ACC +828  
L A S R L T T A E

+829 GAT GTG ACG CTG GCG AGC AAC GTG TTG GCA CTC AAT ATC AAC GTC ATG CTG AGG AAC CTG  
GGG CAG GTG CTG GGG CTC TGC +909  
D V T L A S N V L A L N I N V M L R N L  
G Q V L G L C

+910 GCC TTC ATG CTG GGG CTG TCC CCG CGC CTG ACA ATG CTG GCA CTG CTC GAA GTG CCG CTC  
GCC GTC ACC GCA CGG AAA GTC +990  
A F M L G L S P R L T M L A L L E V P L  
A V T A R K V

FIGURE 8 - SUITE 1

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)



32/110

Figure 8

```

+991  TAT GAC ACC CGG CAC CAG
      Y D T R H Q
GTGATAGCAGGGATGGGATGGTGGGTGACAGGGATGGAGCAATGGCAATGGGATGGGAACAGTGGGAGTGGGGAT +1091

+1092
AGTGAGGTGGGATTTGGGGTCAGGGTGGCAGGGATGAGGGCAGCTGCAATGGGATGGGAACAGTGGGAATGGGGAGAGCAGGATGGGGA
CATGGGTCCACACA +1198

+1199
GCAAGGATGAGAGGATGGAGAAGAGTGGAGCAGGAATGGAAGTGGGATGGGAGTACTTGGCCATCCCATGGGTGCTGACACCCACTGTCC
CCCCAG ATG CTG +1302

M L
+1303  CAG CGG GCC GTG CTG GAT GCA GCA GCC GAC ACC GGA GCG GCA GTG CAG GAG TCC ATC TCT
TCC ATT GAG ATG GTA CGG GTC +1383
      Q R A V L D A A A D T G A A V Q E S I S
S I E T V R V

+1384  TTC AAT GGC GAG GAG GAG GAG CAC CGC TAC AGC CAG GTG CTG GAC AGG ACC CTA CGG
CTG CGG GAC CAG CGG GAC ACA +1464
      F N G E E E E H R Y S Q V L D R T L R
L R D Q R D T

+1465  GAG AGG GCC ATT TTT CTC CTC ATC CAG CGG
      E R A I F L L I Q R
GTGAGGCTGACACGAGGGACACCCCTGGTGTCTGGTGGGATCGGACATCCCCCGCTGAGCCCCAT +1561

+1561  CCCCACAG GTG CTG CAG TTG GCT GTG CAG GCA CTG GTG CTA TAC TGT GGG CAC CAG CAG CTC
CGC GAA GGG ACC CTC ACT +1641
      V L Q L A V Q A L V L Y C G H Q Q L
R E G D L T

```

FIGURE 8 - SUITE 2

33/110

+1642 GCC GGC AGC CTC GTC GGC TTC ATC CTC TAC CAG ACT AAA GCT GGC AGC TGC GTG CAG  
GTGAGGTCAAGCAGTGGTCTCTGCCACCG +1729  
A G S L V A F I L Y Q T K A G S C V Q

+1730  
GATCCCCATGACTGTGGCCACATCCCCGTGTCCACCCTGGTGCTGTGCTGGGGGTACATCCCCCATGTCCTATCCTGGGTGCTGTG  
CATGCAG GCA CTG +1834

A L

+1835 GCG TAC TCC TAT GGT GAC CTT CTG AGC AAT GCA GTG GCC GCC TGC AAG GTC TTT GAT TAC  
CTG GAC TGG GAG CGA CCT GTG +1915  
A Y S Y G D L L S N A V A A C K V F D Y  
L D W E R P V

+1916 GGT GCT GGT GGC ACC TAT GTG CCC ACC AGA CTG CGG GGC CAC ATC ACC TTC CAT CGG GTG  
TCC TTC GCC TAT CCC ACT CGC +1996  
G A G G T Y V P T R L R G H I T F H R V  
S F A Y P T R

+1997 CCT GAG CGC CTC GTC CTG CAA GAT GTC ACC TTC GAG CTG CGC CCC AGT GAG GTG ACG GCG  
TTG GCG GGG CTG AAT GGC AGC +2077  
P E R L V L Q D V T F G L R P S E V T A  
L A G L N G S

+2078 GGG AAG AGC ACC TGC GTG GCA CTG CTG GAG AGA TTC TAT GAA CCT GGG GCC GGA GTG  
CTG CTG GAC GGG GTG CCG CTG +2158  
G K S T C V A L L E R F Y G P G A G E V  
L L D G V P L

FIGURE 8 - SUITE 3

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

Figure 8

+2159 CGG GAC TAC GAG CAT CGC TAC CTG CAC CGC CAG  
GTGAGGGGTGGGGAAATGTTAGCTGCACTGACACANTGCTGGGGCTGAACCTCTGCCCTGG +2254  
R D Y E H R Y L H R Q

+2255 GGGCAG GTG GCA CTG GTG GGG CAG GAA CCC GTG CTC TTC TCT GGC TCC ATT CGG GAT AAC  
ATT GCC TAC GGG ATG GAG GAC +2335  
V A L V G Q E P V L F S G S I R D N  
A Y G M E D

+2336 TGC GAA GAG GAG ATC ATA GCA GCT GCA AGG GCT GCG GGT GCT TTG GGC TTC ATC TCT  
GCA CTG GAG CAA GGC TTT GGC +2416  
C E E E I I A A A R A A G A L G F I S  
A L E Q G F G

+2417 ACT G GTGACTGCTGGGGAGCAAGGGGGGACCGGGTGTCTGACCCCACTATCCCCACCCCTCATCTGCAG AC ---  
GTA GGG GAG AGA GGG GGG CAG +2511  
T  
G E R G G Q D

+2512 CTG TCA GCG GGG CAG AAG CAG CGC ATC GCC ATC GCC CGC GCT TTG GTG CGG CGT CCC ACC  
ATC CTT ATC CTC GAC GAA GCC +2592  
L S A G Q K Q R I A I A R A L V R R P T  
I L I L D E A

+2593 ACC AGT GCT CTG GAT GGG GAC AGC GAT GCA ATG  
GTGAGCACTGAGCAGTGGGTGGGGAGGGTCTG?CCCTGCAGTGCATGCTGATGGCAGCTG +2688  
T S A L D G D S D A M

+2689 TGTGTCCTACAG CTA CAG CAG TGG GTG AGG AAC GGA GGG GAC CGG ACG GTG TTG TTT ATC ACC  
CAC CAA CCA CGG ATG CTG +2769  
L Q Q W V R N G G D R T V L F I T  
H Q P R M L

34/110

FIGURE 8 - SUITE 4

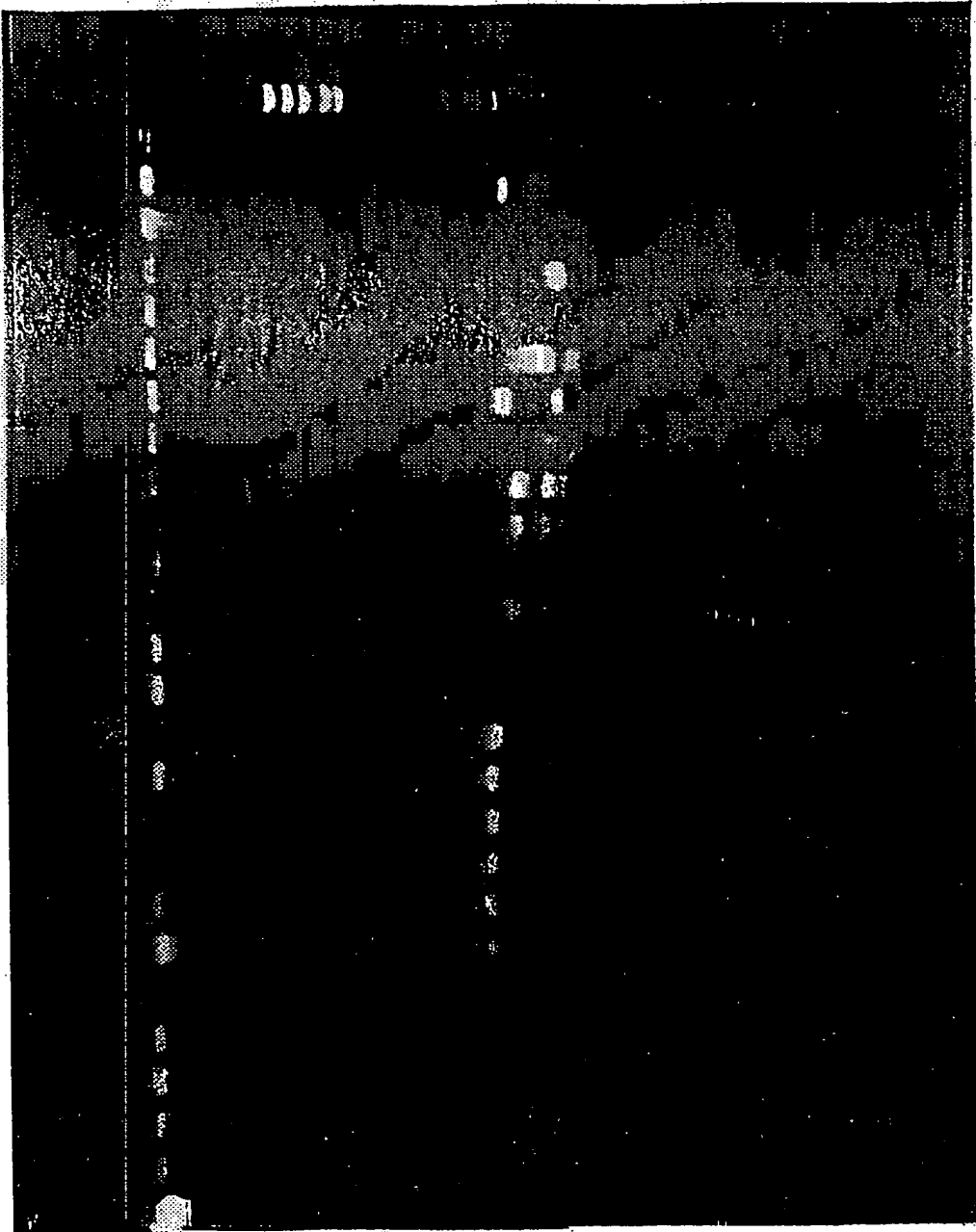
35/110

+2770 GAG AAG GCA GAC CGC ATT GTG GTG CTG GAG CAT GGC ACG GTG GCT GAG ATG GGG ACA CCC  
 GCC GAG CTG AGG ACC CGC GGC +2850  
 A E L R T R G E K A D R I V V L E H G T V A E M G T P  
 +2851 GGA CCC TAC AGC CGG CTG TTA CAG CAC TGA  
 GAACCATGGAGCAGCTGGAGTGGCATGCCATGGGATATGGGAGCAGTGAAGTGCCTTTGCTTCCAGC +2947  
 G P Y S R L L Q H \*  
 +2948 TGCAGGATGGGATGTTTGGGATTGTGTGGAATRAAGTGGAGATGCTTTGT  
 +2999 3'UT  
 INTRON 2-3 : EF23(1B+1R)3R  
 INTRON 3-4 : EF23 2(1)  
 INTRON 4-5 : EF23 352H CON  
 INTRON 5-6 : EF23224RS  
 INTRON 6-7 : EF23(5B+5RB)1R  
 INTRON 8-9 : EF23277B CON  
 INTRON 9-10: EF23 43RSR  
 INTRON 10-11: EF23 43RSR  
 INTRONS 1-2 ET 7-8 INEXISTANTS CHEZ LE POUET

FIGURE 8 - SUITE 5

FIGURE 9

B4	B5 B7	B12	B13	B14	B15	B21	BX
1	2	3	4	5	6	7	8
9	10	11	12	13	14	15	16
17	18	19	20	21	22	23	24
25	26	27					



37/110

A5FIN.txt

GTCCCTATTCCCATTGTGTCCTCACATCTGCCATCTCTTCCCTGTCCCCAT  
CTATGCTTTTGTGCCCCCATCCCTTACCCCATCCCCACGTGTCCCTGTGG  
TGCCACCTCCACACGTGTCCCGTGTCCCCACAGCGGGGCGGTGGCGCAA  
TAACACTGTGATGTGGCGCTGCTGCCGGGACGGAGCGACGGCGCTGCCCA  
TCCGTGCCACGTGCCAGCAGAGGGGACAGCGGGTGACGACGGCCGGGGG  
TGCCGAGACGCCTTCCCTGCAGTGCTGTGAGGTGGCAGAAATCTGCGGCG  
GAAGGGACAGCGCGGGGGGTGGCACGGGGTGAGTGTGAGCAGTGTCCCC  
AAAGCGGGGAGGGGTGACCTGGGGTGGTGGCGGTGGGGTGTGGGGGAGTT  
GTAGAAATGGGGACCCCATTTGGTGTGGGGAGGTTTGGATAAGGGGTCCCC  
ATGGGTGGTGGCACATGGGGACATCCCATAGCCTGGGATCCCATGTTGG  
GGCCATCCCGTACCTGGGATCCCCACATGGGAGGATGTCCCCCGCTGTCC  
CCATGGCAGTGTGGAGGCACAGCTGGCAGAGCAGCTGTTGGATGATGAT  
GAGGACGTCCCCACGAGGAGCTTCTTCCCTGAGAGCTGGCTGTGGCGACG  
CATCCATGTTGCTGGCACTGCACGGTGTGTCCCGTGTGTCCCCATGTCC  
CCATGTCCCCATGACTTTGTGTCCCGTGTCCCCATCTCCCCATCTCCCC  
AGGCTCTCAGTGCTGCTCCCTGACTCCATCACTACGTGGGAGATTACAGGC  
AGTCGCCCATCGTCCCTGGACATGGTGAAGTGTACCCCCCTCCAATGGCCCT  
GCAGTGTCCCCGTGACATCCCCCTCGTGGTGTCCCCATGTCCCCACGTC  
CCCAAGTTCTATGGTGTCCCCATGTCCCCCTCTCCCCCTCCCCCGGA  
ATGTCCCTGTGTCCCGTGGTGTCCCTGCACTGCCCCGCAGTGATGAGGT  
CCTGGCAGGGCTGTGCGTGGCGGAGCCGACGCGGTGACGGTGACACAGG  
ACGTGCGTGTGGCGCTTTGGCTGCCCCCAGCATCCGGCCCCCTAGAGCAG  
ATGCAGCTGCAGCCCCCTCATCCACAGCAGACTGCCCCGCAGCATCAACGT  
AAGCCCTATAGAGACCCCATAGGCACCCAGAGATACCTCTTTCCCTCTA  
ATAAATACCACTTTGCTTCCAATAGATAACCCCTCCTGCCCCATAGGTACC  
CCTGTGCTCCATACTTGGCCTGCCACAGCATAACATACCCCTTTCCCTCCA  
ACAGATATGCGTTGCCCCATAGATACCTTCTTTCTGCCCTATAGATAACC  
CCTCATGCCCCACAGATTCCCGTTTCTTTCAATTGGTACCCCTGCCCC  
TCATATATCCCCCTCTACCCACAGGATACCCCTTAGACACCCGGTACCA  
CTTCTGCCCCATGGATACCCCTGTGGCACATAGATACCGCTTCTGCCCC  
ACAGATACCCCTTCTACTCCACTGTCCACAGCCCCCACTGCCCCATG  
GCCACCCATAGCCTGGTGGCATCGGGTGACAGTGACGGTGATGCAGGTGA  
CGGTGACACTGTGCGCAGTGGAGGGGGTGTGCGCGGCGCTGGATGGGGT  
CCCCAGATGCTGGAGCTGCCCCCGGGGAGGGCAGTGGCTGCACCCCTCAC  
TCTGGTGGCCCTCCACCCTGGGGACATCCCCATCACCATCACCGCCCGG  
GGCCATGGGGGTGGGGGACCGTGTACCCGAGTCCCTGCATGTGAGGTG  
AGATCAGTGGGGTCCCCCTCAGTACCTGCGGTACCTCTGGGGTCCCTTA  
AAGCCCTGCGACCTCCTGGACATTGTTGTCCTTGTGAGCCTGCGGTACCC  
CTGAATACTGGGGCTGTCACTTTGAGGTTTCATGGACACCATGTCCCTGTG  
TCCATGGTGGCCCTGGACATGTTGGTCCTTATGGGATCTGGGGACATGGG  
GTCCTTGGTGGTCTGGATACTGCAGTTGTCCTTTTGTGGACACTATGTC  
CCCATGTCTTGGTGGGAATGGTGTATCCATTCCCGCAGCCTGAGGGAG  
AGCTGCACCTGGAGGAGAGCACCTACATCCTGGACGCAGATGGTGGGTGT  
GAGGACTGGGGGACACTGGGGAACTGGGGACGTGGGGCCGACCCCTGTG  
GTGTGGTGTCCCTACAGATAAGCGGAGCCGGAGCCTGAAGCTGCCGGGGG  
ACGTCCCTGACAGATCGTCCCTGATGGGGACTTCAGCATGAGCATCCGT  
GTCAGTGGTGTGTGGGGATGGGGACATGGGGTGGGGACATGGGGGTGGGT  
ACTGGGAACGTGGTGGGGATGTGGTGGTGGGCATAGGGGACATGGGGACA  
TGGGAGGACATTTGTTGGGGACATTGATGTCCATCCCTGATCATCTCTCT  
GTCCCTATGTCCCCATACCCATGTGTGTGGCCATGTCCGCACGCTGTGCC  
CCTGTGTGTGTCCCTGGGTGTCCCCACATGTGCTCACATCCTTATTACA  
TCCCCACATCTCCTGTGTACAACCCCGTGTGCCCTGATGTGTGCCCTCC  
ACACATCCCCATGGGTGTCCCAATGTTCCCATGTCCCTCTGCTCATCCCC  
ATCCACATCCCCATGCCTATGCCCTATGGGACGTTGGGGCATTTGGCA  
TCCTATCCCCATGTCCCCATGTCCCATATCTCCATACCCCTGTGACCCCA

FIGURE 10

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

38/110  
..5FIN.txt

TATCCCTGTCCTTCAACTCCCCTCCCATCCCCACACCATCCCCATGTCTT  
CTGTCCCCACACCATCCCCATATCCCCCTGTCCCCCTGTCCCTGTCCCA  
GGCCGGGTGCCGGGCTGGGCACTGCAGGGCGCTCTGGGGATAGGGGACTC  
TCTGCTCCGCTCCCCCGGGGCTGTGGGGAGCAGTCCCTGATGTCAATGG  
CACCCACTGCTGCTGCTCTGCGCTTCCTGGATGAGAGCGAAGGGTGGGG  
CAGCTGCCCCCAGGGCACCGACAGCGCGGCTCAGAACCCTGCAGCAGGG  
TGAGCTATGGGGCAGGTTGTGCTTATGGGGTGGGCAATGCTTTATGGGG  
TGTGCAGTGCTCCAAGGGATGTGCAGTGCTTCATGGGGATGCAGTGGGG  
TTTGATTTGATTTGATTTATGGGTTTGCATTTCTCCTCCGAGGATTGCAT  
CTCTCTATGGTGGTTTGCAATGGGATGTGCAGTGCTCCAGGTGGAGGTGCA  
GAGCCCTATGGGGGTGCAGTGCTGTGTAGGGGATGTCTGTGGTGTCCCCA  
ATGGTCTCTGATGTCCCCACAGGCTTCGAACGGGTGCAGAGCTTCCGCAA  
AAGTGACGGCTCCTATGGGGCATGGCTGCACCGGGACAGCAGCACCTGGT  
GAGGGGAGCGGGGATGATGTGGGGACATGGGGATAGTGAGGGGATGTGGG  
GATGCTGGGGTATGGGGATGTGAGGACATCATAGGGACATGAGCGGTGGG  
GCCATGTGGATTTGGGGACGTGGTGACACGGTGTCTGGTGCAGGCTGAC  
GGCACTGGTGCTGCGTGTGCTGGCCCTGTCCCGGCCCTATTTGCCAGTGG  
CTGQCAGCGGGCCCCGCTGCGTCCCTGCGGTGGGTGCTGGGGCAGCAGCGC  
CCAGATGGCGCCTTCTTGAGCACAGGGCTGTGGTGCACCGTGAGATGCA  
GGTGGGTGACACATCACTGCTGTGTGCAATGTCCCCATGCAGGATCTCCC  
CCTGCAATGTCCCCTGAAGGTCCCTGCAGGCTGACCCACATTACACTGT  
GTCACTCACGTGTCCCCGTGTCCCCAGGGTGGTGTGGCAGACCCCGGCC  
GGAGGCCACCGTGTGCTGACGGCCTTCGTGGTGGTGGCCCTCCATGGTG  
CCCGCGCTCTGCTGCCCCCGGACAGCCCTGAGCTGCCCTCCTGGTGAGT  
CCCATGTCCCCACCCCTGTGTCTTGGTCCTCATATCCATGTGTCCCTTGT  
GCCCCATCCCCAAATCCCCACATCCCCCATATGTTCCCATACCCTGCTG  
TGTCCTCCCAAGTGTTCCCGCTCTTTCATTCTCCACTATCCCCCGTATTC  
CCATATGTCCCCCTGTCCACCAGTGTCCCCTCATCCCTCTGTGTCCCCCT  
GTCCCCCAGTGTCCCCCAGTCCCTGTATGTCCCCATGTCTCCTAGTGTC  
CCCCATGTCCGTGTCTCCAGTATCCCCATGCCTCCCCGTGTCTCTTCA  
TGCCCCACACTCCACGTCCCCACACTCCATGTCCCACTGCCACAGGACAA  
ATCCCTGTCCCGGGCCTCCACGTTCCCTCCGGGGCCGCGTGGAGCAGTTGG  
GGACCTATGGGACAGCCATTACATCCTATGCATTGGCACTGGTGGACACC  
GTCCTCCGGGGCCGCACTCCGGCGGTGGAACGTCTGCGGGGCATGGCCCG  
GAGCGCCCCAGGTGCGTCTGTCTGTCCCCATGGGGTGGTGGCACCTCT  
GTCCCCATGGCTGCCTCCTGACCCCTCTGTCCCCCTCCTTCAGATTCACT  
CTCATTGCAATCCTTCAATTTTATTCTCCCTCAAACCTCTTCTTCTTGT  
TTCTTCACATTCAATCCTATTCAAATTGCTCTCCTTCTGTCTGTTCTTC  
TTCAAATTCTTCTTCAATTTTGTCTCCTGATTAATTCTCTTAAATTA  
CTCTCGATCAAGTTCTGCAGATTGCTTCCACTTCGGATGGATTCTTCTCC  
AAACTGTTCTTCAGATTCACTCTCCTTCAATTTGTTCTTGTAAATTAATT  
CTTCTTCAGAGTGATTCTTCAAACCTCTTCTTCATGTTCTTCAAGTCCA  
TTCCCTGCACTGACTCCGGGTGCTCAGGACCCCCCGTGACCCCATATGA  
CCCCATATGAACCCCCCATGACCTCCACAAAACCATATGACCCCGTGACC  
TCCCATGACCCCTCATGACCCCATATGACCCCATGACCCCATCCCTGT  
GCAGGTGGCCGTGCAACCTTCTGGCCATCCGGTGGCCCCGACCCACGGT  
GGAGGCGACGGGTACGCCCTTCTGGCACTGCTGCAGAGCCGCGACATCG  
CCGGGGCTGCGAGGGCGGCACGGTGGCTCCGACAGCAGAGCAATTACGGG  
GGTGGCTTCCACTCCACGCAGGTGGGTGGGGGTCACTGACCCCGGGGTG  
CCTCGGGGTGGGGGTGATTTGATCCCCAGGTACCTCTTGGTGGCTGTGT  
CCCCAACCTGCTTGGTGTTCGCGCAGGACACGCTGGTGGCCCTGGAGGCG  
CTGGCCCAGATGTGGCTGCACTGGGGCCGTGGGAACACAATGGGGCTGAA  
CCTGGGGCTCTCCTGGCCGGGGGTGCCCCGGGGGAGGGCTGGTGGCACTC  
AGGTTATGCTGAAGCCGGGGCTGGAGCCGCTGGAGCAGGAGCTGCAGCTG  
GGGACATGGCGGGATGTGGGGACACGAGGGATGTGAGGACACTGGGGACA

FIGURE 10

SUITE 1

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

[illegible]

FIGURE 10

**SUITE 2**



40/110

A5FIN.txt

CCCCCTGGGGAGCGGAGGCGGCTGCTGGTGCGGAAGAGCTGCCCACTGCGC  
CTGCAACTCCACAACATCTACCTGGTGATGGGGGGCAGCGGGAGGACGCG  
GGACCCTGAGGGGCGGTGAGAAGGGGCTGTGCCCCATGTCCACATGTCCC  
TGTGTTCTCATGTTCCCATGTCCCATATCCCAGTGTTCTTAACCCCATAT  
CCTTGACCTTGAGCCCATACCCTGATATCCCTGACCCTGTCCCCATTCTC  
AGCCCCCAGTTCTGTGCTGGGCCCCCACTCATGGTTGGAGGAGGTGCCATC  
CCCTGGACGCTGTAAGGCCACAAGGTTGCGGGGTTACTGCGCCCAACTGC  
AGGAGTTCGCAACCCGCCTGAGCCAAGTGGGCTGCCAGCTGTGAGCCCCCT  
GGGAGCCACTGGGAGCATGTTGGGTGCAGCTGGGACCATTCTGGGGGTGA  
ACTGGTACCCTGTTGGATCAGTTGGGATCAATTGGGAATAAACTAGTGT  
TGACTGGGACCGTGTGTGACCAACTGGAAGTGTGTTGGAAGAACTGAG  
AGCTGCTGGGGTTGAGTGGGAGCAACTGGAAGTGTGTTGGAACAAACAGG  
GGACCAACTGGGATCACACTGTGGTCAGCTGGGATCACACTGGGTCAAAA  
AAGATCACAGTGGCCCAATTGGGGTCATACTGGGGTGAGCTGGGATCAGA  
ACGAGTTTAATAAACGTACAGTCGTCCGAGCCACCACAGAGTCAGCCCTC  
CAGCGGCGCAGAGCGGCGCAGCGCGCACTGGCTGCCCGCGGTAAGCGGAT  
GTGACGTCACTTCGCGGCGCGCTATTGAACTCCAGCAGCGCCCCGCGGA  
GCGCCCCAATGCCGCGGCCCAACC GCGCAGCCCCCGGCGCGGGGCGCG  
CCCCCCCCGGCGCGCCCCCGCCACCCCCCGCGCGGCCTCGCGGTGAGTG  
CAGCCCGTAGGAGTGCGGAGTGTGGGGGCGGGGGGGGGGCGTCTGGAGC  
GGAGCCTTTATCACCGCTGTTTTCCCGATTTCCCCGTCTTTTCGCCCCGT  
TTCAGCCCGCCGGTACCGGCCCGGTGAGAGGGCGCTGCGGGAGATCCGCC  
GCTATCAGAGCAGCACCGCTCTGCTGCTGCGCCGCCAGCCCTTCGCGCGC  
GTGGTAACGGGACTGCCCCGGAACGGGACACCCCCCAACCCCCCAACGG  
GACCATCCCCCACGGATGGATCCCCCCCCACACACATCCAACGTGGGAC  
CCCCCGCCCCAAAATGAGATCTCAACGTGAGATCTGGGGGCCTCAAAATG  
AGACACTCTCCCCCTCCCCAACGGAACACCCCGAAAATGGGACCACAC  
ATAAAAGTGGGGACTCCCCCTCCTCCCCCGCCCCGTCAAAATGGAACAC  
CCCCAACTGGACCTTTCAAAAAATAACATTCCCCTCCCCCAAAAATGGG  
ACTTACCACAAAGTGGGATCTTCCCCAAAATGAACACCCCTCAAAATG  
AGACCCCTCGGACCCCCCCCCAACCCCTCTGCACCCATCNGCCGTCTGTGA  
CGGAAGGGAAAGGCTGTAGGTACATCTACCCTATTCTTGGGTTTGTG  
TTTTGTTTTGTTGTTATTTAGAAAGCAAAACCAAGACAACAAAGCCCAGCC  
AATGCCATTTCTTGGCAGTGGACGCAGGCGCAGGCGGGTTGGTCACAAAG  
CAAGAAGTTGCTGCGGGACTTTGTGCTTTTGGGGCCGTTCTCGTGAACCT  
CTGAGCCATGGATGAGGAAATTACTTATGCTGATTTAAGGCATCCTACGG  
GCAGTTTGCTCTGCTAAGCGGCAGCGCGGTAAGGGATGCTCTGTGTGG  
TGGGTGCTCACCGCAGGCTTGGTTTGGGGGCTTGCTGTTCTCTGAGAAAC  
ACCAGCAATGCTGTTGGGTTCTGGGTCCACCCTGGCTTGTATGGGGGAG  
TAAAGGAAGGGGTGGGGGAGAAGGAAGCCTGGGAATGGCCAGAGGTGTGG  
TGGTTT

FIGURE 10

SUIITE 3

41/110

A5FINB.txt

GTCCCTATTCCCATTGTGTCTCACATCTGCCATCTCTTCCTGTCCCCAT  
CTATGCTTTGTGCCCCCATCCCTTACCCCATCCCCACGTGTCCCTGTGG  
TGCCACCTCCACACGTGTCCCCGTGTCCCCACAGCGGGGCGGTGGCGCAA  
TAACACTGTGATGTGGCGCTGCTGCCGGGACGGAGCGACGGCGCTGCCCA  
TCCGTGCCACGTGCCAGCAGAGGGGACAGCGGGTGACGACGGCCGGGGGCG  
TGCCGAGACGCCTTCCTGCAGTGCTGTGAGGTGGCACAGAATCTGCGGCG  
GAAGGGACAGCGCGGGGGGTGGCACGGGGTGAGTGTGAGCAGTGTCCCC  
AAAGCGGGGAGGGGTGACCTGGGGTGGTGGCGGTGGGGTGTGGGGGAGTT  
GTAGAAATGGGGACCCCATTTGGTGTGGGGAGGTTTGGATAAGGGGTCCCC  
ATGGGTGGTGGCACATGGGGACATCCCATAGCCTGGGATCCCATGGTTGG  
GGCCATCCCGTACCTGGGATCCCCACATGGGAGGATGTCCCCCGCTGTCC  
CCATGGCAGTGATGGAGGCACAGCTGGCAGAGCAGCTGTTGGATGATGAT  
GAGGACGTCCCCACGAGGAGCTTCTTCCCTGAGAGCTGGCTGTGGCGACG  
CATCCATGTTGCTGGCACTGCACGGTGTGTCCCCGTGTGTCCCCATGTCC  
CCATGTCCCCATGACTTTGTGTCCCCGTGTCCCCATCTCCCCATCTCCCC  
AGGCTCTCAGTGCTGCTCCCTGACTCCATCACTACGTGGGAGATTCAGGC  
AGTCGCCATCGTCCCTGGACATGGTGAGTGTACCCCTCCAATGGCCCT  
GCAGTGTCCCCCTGACATCCCCCTCGTGGTGTCCCCATGTCCCCACGTC  
CCCAAGTTCTATGGTGTCCCCATGTCCCCCTCTCCCCCTCCCCCGGA  
ATGTCCCTGTGTCCCCGTGGTGTCCCTGCACTGCCCCGCGAGTGATGAGGT  
CCTGGCAGGGCTGTGCGTGGCGGAGCCGAGCGGGTGACGGTGACACAGG  
ACGTGCGTGTGGCGCTTTGGCTGCCCCCAGCATCCGGCCCCTAGAGCAG  
ATGCAGCTGCAGCCCTCATCCACAGCAGACTGCCCCGAGCATCAACGT  
AAGCCCTATAGAGACCCCATAGGCACCCACAGAGATACCTCTTCCCTCTA  
ATAAATACCACTTTGCTTCCAATAGATAACCCTCCTGCCCCATAGGTACC  
CCTGTGCTCCATTTGCCCTGCCACAGCATAACATACCCCTTTCCCTCCA  
ACAGATATGCGTTGCCCATAGATAACCTTCTTCTGCCCTATAGATAACC  
CCTCATGCCCCACAGATTCCCGTTTTCTTTCAATTGGTACCCCTGCCCC  
TCATATATCCCCCTCTACCCACGGATACCCCTTAGACACCCGGTACCA  
CTTCTGCCCCATGGATACCCCTGTGGCACATAGATAACCGCTTCTGCCCC  
ACAGATAACCCCTTCTACTCCACTGTCCACAGCCCCCACTGCCCCATG  
GCCACCCATAGCCTGGTGGCATCGGGTGACAGTGACGGTGATGCAGGTGA  
CGGTGACACTGTGCGCAGTGAGGGGGGTGTGCGCGGCGCTGGATGGGGTC  
CCCCAGATGCTGGAGCTGCCCCGGGGAGGGCAGTGGCTGCACCCCTCAC  
TCTGGTGGCCCTCCACCTGGGGACATCCCCATACCATCACCGCCCGCG  
GGCATGGGGGTGGGGACCGTGTACCCGAGTCCCTGCATGTGAGGGTG  
AGATCAGTGGGGTCCCCTCCAGTCACCTGGGTACCTCTGGGGTCCCTTA  
AAGCCCTGCGACCTCCTGGACATTGTTGTCTTGTGAGCCTGCGGTCACC  
CTGAATACTGGGGCTGTCACTTTGAGGTTTATGGACACCATGTCCCTGTG  
TCCATGGTGGCCCTGGACATGTTGGTCTTATGGGATCTGGGGACATGGG  
GTCCTTGGTGGTCTGGATACTGCAGTTGTCTTTTGTGGACACTATGTC  
CCCATGTCTTGGTGGGAATGGTGTGATCCATTCCCGCAGCCTGAGGGAG  
AGCTGCACCTGGAGGAGAGCACCTACATCCTGGACGAGATGGTGGGTGT  
GAGGACTGGGGACACTGGGGAACTGGGGACGTGGGGCCGGACCCCTGTG  
GTGTGGTGTCCCTACAGATAAGCGGAGCCGGAGCCTGAAGCTGCCGGGGG  
ACGTCCCTGCAGAGATCGTCCCTGATGGGGACTTCAGCATGAGCATCCGT  
GTCAGTGGTGTGTGGGGATGGGGACATGGGGTGGGGACATGGGGGTGGGT  
ACTGGGAACGTGGTGGGGATGTGGTGGTGGGCATAGGGGACATGGGGACA  
TGGGAGGACATTTGTTGGGGACATTGATGTCCATCCCTGATCATCTCTCT  
GTCCCTATGTCCCCATACCCATGTGTGTGGCCATGTCCGCACGCTGTGCC  
CCTGTGTGTGTCCCCCTGGGTGTCCCCACATGTGCTCACATCCTTATTACA  
TCCCCACATCTCCTGTGTACAACCCCGTGTGCCCTGATGTGTGCCCTCC  
ACACATCCCCATGGGTGTCCCAATGTTCCCATGTCCCTCTGCTCATCCCC  
ATCCACATCCCCATGCCTATCCCTATCCCAACGTTCCCCCATTTCCCA  
TCCTATCCCCATGTCCCCATTTCCATTTCCATTTCCATTTCCATTTCCCA

FIGURE 10

SUITE 4

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

TATCCCTGTCCTTCAACTCCCCCTCCCATCCCCACACCATCCCCATGTCTT  
CTGTCCCCACACCATCCCCATATCCCCCTGTCCCCCTGTCCCTGTCCCA  
.GGCCGGGTGCCGGGCTGGGCACTGCAGGGCGCTCTGGGGATAGGGGACTC  
TCTGCTCCGCTCCCCCGGGCTGTGGGGAGCAGTCCCTGATGTCAATGG  
CACCCACTGCTGCTGCTCTGCGCTTCCTGGATGAGAGCGAAGGGTGGGGG  
CAGCTGCCCCCAGGGCACCAGACAGCGCGGCCCTCAGAACCCTGCAGCAGGG  
TGAGCTATGGGGCAGGTTGTGCTTTATGGGGTGGGCAATGCTTTATGGGG  
TGTGCAGTGCTCCAAGGGATGTGCAGTGCTTCATGGGGGATGCAGTGGGG  
TTTGATTTGATTTGATTTATGGGTTTGCATTTCTCCTCCGAGGATTGCAT  
CTCTCTATGGTGTTTGCATGGGATGTGCAGTGCTCCAGGTGGAGGTGCA  
GAGCCCTATGGGGGTGCAGTGCTGTGTAGGGGATGTCTGTGGTGTCCCCA  
ATGGTCTCTGATGTCCCCACAGGCTTCGAACGGGTGCAGAGCTTCCGCAA  
AAGTGACGGCTCCTATGGGGCATGGCTGCACCGGGACAGCAGCACCTGGT  
GAGGGGAGCGGGGATGATGTGGGGACATGGGGATAGTGAGGGGATGTGGG  
GATGCTGGGGTATGGGGATGTGAGGACATCATAGGGACATGAGCGGTGGG  
GCCATGTGGATTTGGGGACGTGGTGACACGGTGTCTGGTGCAGGCTGAC  
GGCACTGGTGCTGCGTGCTGCGCCCTGTCCCGGCCCTATTTGCCAGTGG  
CTGCCAGCGGCCCGCTGCGTCCCTGCGGTGGGTGCTGGGGCAGCAGCGC  
CCAGATGGCGCCTTCTTGAGACACAGGGCTGTGGTGCACCGTGAGATGCA  
GGTGGGTGACACATCACTGCTGTGTGCAATGTCCCCATGCAGGATCTCCC  
CCTGCAATGTCCCCGAAGGTCCCTGCAGGCTGACCCACATTACACTGT  
GTCACTCACGTGTCCCCGTGTCCCCAGGGTGGTGTGGCAGACCCCGGCC  
GGAGGCCACCGTGCTGCTGACGGCCTTCGTGGTGGTGGCCCTCCATGGTG  
CCCGCGCTCTGCTGCCCCCGGACAGCCCTGAGCTGCCCTCCTGGTGAGT  
CCCATGTCCCCACCCCTGTGTCTTGGTCCCTCATATCCATGTGTCCCTTGT  
GCCCATCCCCCAAATCCCCACATCCCCCATATGTTCCCATACCCTGCTG  
TGTCCCCCAGTGTTCCCCCGTCTTTCATTCTCCACTATCCCCCGTATTC  
CCATATGTCCCCCTGTCCACCACTGTCCCCTCATCCCTCTGTGTCCCCCT  
GTCCCCCAGTGTCCCCCAGTCCCTGTATGTCCCCATGTCTCCTAGTGTC  
CCCCATGTCCGTGCTCCTCCAGTATCCCCCATGCCTCCCCGTGTCTCTTCA  
TGCCCCACACTCCACGTCCCCACACTCCATGTCCCACTGCCACAGGACAA  
ATCCCTGTCCCGGGCCTCCACGTTCTCCGGGGCCGCGTGGAGCAGTTGG  
GGACCTATGGGACAGCCATTACATCCTATGCATTGGCACTGGTGGACACC  
GCTCCTCCGGGGCCGCATCCGGCGGTGGAACGTCTGCGGGGCGATGGCCCG  
GAGCGCCCACGGTGCGTCTGTCTGTCCCCATGGGGTGGTGGCACCTCT  
GTCCCCATGGGTGCCTCCTGGACCCCTCTGTCCCCTCCTCAGATTCACT  
CTCATTGCAATCCTTCAATTTTATTCTCCCTCAAACCTCTTCTTTGTA  
TTCTTACATTCTTCTTCAATTGCTCTCCTTCTGTCTGTTCTTCTC  
TTCAAATTCTTCTTCAATTTGTTCTCCTGATTAATTCTCTTAAATTA  
CTCTCGATCAAGTTCTGCAGATTCTTCCACTTCGGATGGATTCTTCTCC  
AAACTGTTCTTCAGATTCACTCTCCTTCAATTTCTTCTTGAATTAATT  
CTTCTTCAGAGTGATTCTTCAAACCTCTTCTTCATGTTCTCTCAAGTCCA  
TTCCCTGCACTGACTCCGGGTGCTCAGGACCCCCCGTGACCCCATATGA  
CCCCATATGAACCCCCCATGACCTCCACAAAACCATATGACCCCGTGACC  
TCCCATGACCCCTCATGACCCCATATGACCCCATGACCCCATCCCTGT  
GCAGGTGGCCGTGCAACCTTCTGGCCATCCGGTGGCCCCGACCCACGGT  
GGAGGCGACGGGTACGCCCTTCTGGCACTGCTGCAGAGCCGCGACATCG  
CCGGGGCTGCGAGGGCGGCACGGTGGCTCCGACAGCAGAGCAATTACGGG  
GGTGGCTTCCACTCCACGCAGGTGGGTGGGGGTCACTGACCCCGGGTG  
CCTCGGGGTGGGGGTGATTTGATCCCCAGGTACCTCTTGGTGGCTGTGT  
CCCCAACCTGCTTGGTGTTCCCGCAGGACACGCTGGTGGCCCTGGAGGCG  
CTGGCCAGATGTGGCTGCACTGGGGCCGTGGGAACACAATGGGGCTGAA  
CCTGGGGCTCTCCTGGCCGGGGGGTGGCCGGGGGAGGGCTGGTGGCACTC  
AGGTTATGCTGAAGCCGGGGCTGGAGCCGCTGGAGCAGGAGCTGCAGGTG  
GGGACATGGCGGGATCTGGGGACACGAGGATGTGAGGACACTGGGGACA

FIGURE 10

SUITE 5

43/110

A5FINB.txt

TGTCTGGACTTGGTAGGATGTAACATGAAGACACTGGGGACATGGTAGGA  
CATGGGGGACATGAGAACACGGGATGTGGGGGACATGGTAGGACATGATG  
GACACAGGGCTTTGGGGTCTTGGGTCTCGCTCTGTCCCCATGTCCCCA  
GGTGCCCTCTGGGCAGCCCAGTGACAGTGCAGGTGGAGGGACACGGCGAAG  
GGACGCTGACGGTGGGTGGCTGCATGGACATTGGTGTCTCATCTCCAAGACC  
GATGTCCCCCTCACAACTCCCCCTCATGGTGTCCCCCTCATGCTGCCACGGT  
GTCCCCCTGCTGTCCCATCATGGTGTACGCTGTCCCCAGGTGCTCCGCCA  
GTTCCGCCTGCTGTACCTCCGAACGCCACGTGCCAGGCGCTGCACCTGG  
AGGTGGCCATCACCGGCCCCATCCTGTACCATGGTGAGGCCCCACCCAAA  
GGCCCCGCCCCCTTTTCTCGCGGGGGCGTGCCCTCAACCTGTTTTGC  
ATATCCCAACCCCCAGCAGATGAGGACTACGAGGACTACGAGGACTACGA  
GGAGGCGGAGCCTAAGGAGGGGGAGGAGCCTACGGAAGGGGACAGTGCCCG  
TGGAAGGGGCGGGGCCAGCAGATGACCCCGCCCCCTCAGCCCCGTGTCC  
TTATGGGATGCCCCGTAAGCGGCAACGCCGAGCACACATAACCTGCCCA  
CGAGGTGGCCTTCTTGGTCTGCTTCCGGTGAGGGGCGGAACCTTCTGTCC  
CTGGGGGCGGGTCTTCTGCTGATGGGCGTGGCTTATTGCTGAGGGGCGT  
GGCCTGTTGTAGGCGGAGCCCAGGGGTGGCACTGACTGGGATGGCGGTGG  
TGGAGATCACTCTGCTCAGTGGCTTCTCACCCCATAGAGCTGACCTGGAC  
AAGGTAGGGGCCAGGGGGACTTGTGGGACATGTTGGGGGGTTGAGGGGA  
GTTATGGGGTGTGGGGTTTGGGGGTGTTGGAGTTGTTGAGGTGGCAGAAT  
GTTTGGGTGGAGTCATGGGATATGGGGCTATTGGGGTTTGGGGTGTG  
TGATGTTGGGAAACATTGAATTGGGGTGTGTTGAGTTTGGGGTGTGGGG  
TGTGCGGGTGACAGCTGCAGCTGCTGGGTGGAGTATTAAGGTGTTGGG  
ATGTTGGGGTGTGGATGGCTTGGATGCGGGTGTGGGGTGGGCACGTAT  
CTGGGTGCTGCTGTCCCAACAGCTGCGGGACGTGGTGGATCACTGGAT  
CAGTCACTATGAGTTGGAAGGAAACAGTTGGTGTCTATACCTGGATGAGG  
TGTGTCCTCCCGTGTACCCCTATAACCCAGTGGCCCCATGTTCTCATAT  
CCCCCATGTCCCGTGTCCCAACACCATATCCATTCTCCCCACACATCC  
CCGTGTTCCACCACGTGTCTCATTCTGTCCCTGTCCCCAGGTCCCCC  
CGAGCGGCAGTGTCTCAGTTTTGGGGCCACCCAGGACGCGGCTGTGGGT  
ACATGCAGCCGGAATGGCAGCCATCTATGACTACTATGAGCCTGGTGGG  
TGGGCGCTTCACTGGGAGGGGCTAAATGGGTGGTGGTCTTCATGGGTGT  
GACCATTGGAGAGGCGTGGCCGATCTGACCCCTCCATGCCCCATCCAGG  
ACAGCGCTGCACCGTCTTCTACAACGCCCCCAAAGGAGCAGCACCATCG  
CCACACTGTGCTCCCCCAAATCTGTGAATGCGCCCAAGGTAGGACCCCA  
CTGTGACTCCATATGTAGGGCCCCCATCCAGTGAACCCCAACATCCTCCT  
CCTAATTTTTGAAGATCTGGGGGTGAAATTATGGGGTTTATAGGGGAGCG  
TGGTTGAGTGACATGCAGGACATGGAGGGAACCCACACCAAGAACCTTGT  
GTTTTGGGTCCCTGATGATGTTGGGAGATCCTATTGATGTTGGTGGTCCC  
CAGGGGGGTGTCCCCAAGCCCAAAGGAGGACACAGGAGGTGACAGCTGAT  
GACCGCCATGACTTTGCCCTGCTACAGCCCCCGGTGGACTATGGTGAGAT  
CCCAAATCACTGCACCTCAAACCTGACCCCAAATTGGCTGCATCCCGAAC  
CCCAACTGCCCTAAATCCCATCTGCTGCCCTGAGTCCCACAGCTGCACA  
CTGTACCCCAACAAGTGGCCCTGAAGCCTAAAAACATTACGAGGATTTT  
GTAGTTTTCTCCCTGTACCCCAAGTTGTCCCTCTGACCCCAAGAACCCAC  
AGCTGCCCTATGCTGTCCCTGCCCGCCATAACTCCTCTGATACAATAAC  
CCCCGTGACCCCATCTTTATGACCTCCATGACCTTTGACCCCAAGCACTG  
GTGGTTCCGGTGTGTCCAGAGTGAGATAGGGGCTTTTGTGGCGTTTGA  
GACGGAAATCAAGGAGGTGCTGCTTGAAGGTGAGACTGAGGGTAGTGGGA  
CGGACTGGAAGGTGAGAATGGGAGCACTGGGAGAGGCAGGGAGTACTGAG  
AGGGACTGGGAATGACTGGAATGAGACTGGGTGGACTGGGAACCTCTGG  
TAGAGACTGAATGGGTATACTGGGAACACTGGAAGAAGTTGTGGGATGAG  
AAGAGGATGCTGGGATAGGAGACCCCCCCTTGTGCTAGGGGGGTCTCT  
CAGCCATACTGGCACAATATGAGAGTATACTGGGTGGTACTGGGAAAGCT  
GGGAGGACTCATACTGGT

FIGURE 10

SUITE 6

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

44/110

A5FINB.txt

CCCCTGGGGAGCGGAGGCGGCTGCTGGTGCGGAAGAGCTGCCCACTGCGC  
CTGCAACTCCACAACATCTACCTGGTGATGGGGGGCAGCGGGAGGACGCG  
GGACCCTGAGGGGCGGTGAGAAGGGGCTGTGCCCCATGTCCACATGTCCC  
TGTGTTCTCATGTTCCCATGTCCCATATCCCAGTGTTCTTAACCCCATAT  
CCTTGACCTGAGCCCATACCTGATATCCCTGACCCTGTCCCATTCTC  
AGCCCCCAGTTCCTGCTGGGCCCCCACTCATGGTTGGAGGAGGTGCCATC  
CCCTGGACGCTGTAAGGCCACAAGGTTGCGGGGTTACTGCGCCCAACTGC  
AGGAGTTCGCGACCCGCTGAGCCAACTGGGCTGCCAGCTGTGAGCCCT  
GGGAGCCACTGGGAGCATGTTGGGTGCAGCTGGGACCATTCTGGGGGTGA  
ACTGGTACCACTGTTGGATCAGTTGGGATCAATTGGGAATAAACTAGTGT  
TGACTGGGACCGTGTTGTGACCAACTGGAAGTGTTGGAGAAACTGAG  
AGCTGCTGGGGTTGAGTGGGAGCAACTGGAAGTGTTGGAAACAAACAGG  
GGACCAACTGGGATCACACTGTGGTCAGCTGGGATCACACTGGGTCAAAA  
AAGATCACAGTGGCCCAATTGGGGTCATACTGGGGTGAGCTGGGATCAGA  
ACGAGTTTAAATAAACGTACAGTCGTCCGAGCCACCACAGAGTCAGCCCTC  
CAGCGGCGCAGAGCGGCGCAGCGCGCACTGGCTGCCCGCGGTAAGCGGAT  
GTGACGTCACTTCGCGGCGCGCTATTGAACTCCAGCAGCGCCCCGCGGA  
GCGCCCCAATGCCGCGGCCCAAACCGCGCAGCCCCCGGCGCCGGGGCCGC  
CCCCCCCCGCGCGCCCCCCCCGCCACCCCCCGCGCGGCTCGCGGTGAGTG  
CAGCCCGTAGGAGTGCGGAGTGTTGGGGGCGGGGGGGGGGCGTCTGGAGC  
GGAGCCTTTATCACCGCTGTTTCCCGATTTCCTCGTCTTTTCGCCCCGT  
TTCAGCCCGCCGGTACCGGCCCCGTGAGAGGCGCTGCGGGAGATCCGCC  
GCTATCAGAGCAGCACCGCTCTGCTGCTGCGCCGCCAGCCCTTCGCGCGC  
GTGGTAACGGGACTGCCCCGGAACGGGACACCCCCAACCCCCCAACGG  
GACCATCCCCCAGGATGGATCCCCCCCCACACACATCCAACGTGGGAC  
CCCCCGCCCCAAAATGAGATCTCAACGTGAGATCTGGGGGCTCAAAATG  
AGACACTCTCCCCCTCCCCCAACGGAACACCCCGAAAATGGGACCACAC  
ATAAAAGTGGGACTCCCCTCCTCCCCCCCCGCCCCGTCAAAATGGAACAC  
CCCCAACTGGACCTTTCAAAAATAACATTCCCCTCCCCCAAAAATGGG  
ACTTACCACAAAGTGGGATCTTCCCCCAAAAATGAACACCCCTCAAAATG  
AGACCCCTCGGACCCCCCCCCAACCCCTCTGCACCCATCNGCCGTCGTGCA  
CGGAAGGGAAAGGCTGTAGGGTACATCTACCCTTATTTCTTGGGTTTGTG  
TTTTGTTTTTGTGTTATTTAGAAGCAAAACCAAGACAACAAAGCCCAGCC  
AATGCCATTTCTGGCAGTGGACGCGAGGCGCAGGCGGGTTGGTCACAAAG  
CAAGAAGTTGCTGCGGGACTTTGTGTTTTGGGGCCGTTCTCGTGAACCTT  
CTGAGCCATGGATGAGGAAATTACTTATGCTGATTTAAGGCATCCTACGG  
GCAGTTTGCTCTCTGCTAAGCGGCAGCGCGGTAAGGGATGCTCTGTGTGG  
TGGGTGCTCACCGCAGGCTTGGTTTGGGGGCTTGTGTTCTCTGAGAAAC  
ACCAGCAATGCTGGTTGGGTTCTGGGTCCACCCTGGCTTGTATGGGGGAG  
TAAAGGAAGGGGTGGGGGAGAAGGAAGCCTGGGAATGGCCAGAGGTGTGG  
TGGTTTT

FIGURE 10

SUIITE 7

45/110  
Contil31.txt

AGAAGAGCCCCGTGATGTCCTCCAGGTGCGGTCCCTCGGTGCCTGTGGGG  
ACAACGACAGCCCTAAGCACAGTGTACCATCCTGGGTGGGGTCCCCAAC  
CCAAATCCATGATCTCCCATTGTCCAGGCCATGGTCTGATGTCCCTCA  
GACCTCCTAACCATGGTCCCAGCATCCCAATACCTCCACGTGTTCCAA  
TATCCCCACATCCCCCTCACCAGCCAGGAGCAGTCGGACGGAGACACGC  
ATTGGTTTGGCCAGTGCAGTGTGGGTGACAACGCAGCTGTAGATGTCCCC  
GTGGTGTGGGGGCGTGCGGGGATCAGCCGTGCTGCCGCCGTCCGGCTGT  
AGGTTCCATCGGCTGCCTGGCGGTGACCTGAAGTCCAGCTGTCCATCACT  
GTGTCCCTGGGTGACTGTGATGTCCCCGAGCCCCCGGCGGGCGCTGCCA  
CGTCACCGTCACATCCAAGGGGTAGAAGCCAGACACGTGGCAGCGTAGCT  
CTGCTGACGTCCCCGGGGCCACCACCAGGTTCTTCGGGGACAGCGTCACC  
TTGGGGGGCTCTGGGAGACATGTGGGGGGACATCGGTCCCATATAGCCCA  
TAGGGCCCCTCCTATAGGGCTCATCCCCCCTATAAACCTACAGGTGAAC  
TATGGGATGATGCCACCCCATCCTATAGTCCTCATAGGAATACCACCCGG  
TCCCATCCACCCTATAGCCTCCATAGGAATACCACCCAGTCCCATCCACC  
CTACAGCCCCCACCAGGAATATACCCAGTCCCATCCACCCTACAGCCCC  
CATAGGAATACCGCCTGCTCCCATATGTCCTATCTGACCAATAGGAATAC  
CACCAGTCATACACACTCCGTAGGAACACTGCCCAACCCACACCCCAT  
AGGAACACCGCCTGCCCCACATGGACGCACCAAGACGTGGAGCTGCAGC  
ACTGTCTGTGTGTGCCCCGTGGGGCAGGAACACGGAGCAGATGTAGGTGCC  
CTCATCCCCCGGTGATGGCCGCGCCAGCCGAGTGTCAACGCTGTCACCC  
CGTCCCCATCCCGTGTCCCCAGCAGCAGTTCGGCCCCGGGGGTGGCGCGG  
GGGGCGCGGGCGGTGGAACCTGTCATAGG

FIGURE 10

SUITE 8

46/110

AB1B3FOR.txt

CCAAC TTCCTTTGGTTCAGGGAAGAAGACTCACCCACTGCTTTGGTTTGT  
TGCACTGGAAAAGCATGAAGAAAGCACCATGATGAGAGGAACAGTTCA  
TCCCACAGCTCACGCAGGAAGAACCCATTTTTAATTTAATTTGGGAGGGA  
GCACTCACCCAGGTCTGAAGCTAGTTTATCTGCAATGAAACAAATAAGAA  
ATGCATGATGAGAAGGGTCAGAATATCATCCCATGGCTGATCCCATGGGA  
AGACCCCGAATCTCTTTGGTTTGCGGAGGAGGACTCACCCAACGTGTCAT  
TCCTTCCCTCTGCAAAGGGAAAGCAGAAACAGTG

FIGURE 10

---

SUITE 9

47/110

AB1C1FOR.txt

TGGGATCAAGTTGAGTAGACATAGCATCCTCGCTTTTAGACAAGACCTGC  
ACAGTATACCACCGTTTACTGTGCAGATAATGACCAAAAGCAATATGCGT  
CACACTTTTCTGGTGACAACGTACAAAATGGCGGTCGTCAATCGTGACG  
AACAGCACAAACGCCCTTTCTCATCGAAGATTTCAATCTGCCAGACCTGG  
TGACGCGAACCAGATGCAACGGTTTGCATACGCCGCGCACCCGCCCTTC  
TCGTGCCGAGCGGACGTGGTTAGCATTGATTTCCAGACCAACCACTTTT  
GCTCACCTTCGGTACATAAATAACCGGCAACGGAACCGATACTTTCGGCC  
ATTACCACGGGTGCTCCTCCATGCAGCAACCCGAAAGGCTGCTTTGTCCG  
CGAGTCTACTGGCATTGTGCTTCAAGGGTGTATCACCATAATGTTCAA  
AGCGAATATCCAGGAACCCACCATGTTTTCCTTACCCATAGCATTAGT  
GCTTCCAGGGTGATTTTCCGTTTCCAGATCATTTAATAATCTCCAGTTAA  
AGCCTGCACAGGATGGCTTACCCGTGCCTTCAACCCGTTTTATCTGGCT  
ACGGCAAGGAATATCCGGTT

FIGURE 10

SUIITE 10



48/110

AB3A11RE.txt

CCGTCGCCTCGGCTCTCCCTCGGGCTCCACCCCCCGTTCCGCCCCTTTG  
CCGCCGCATCTCCCGCTCTGTACCCTCCCCAAGAAGTCGCTCAGACGGCG  
TCGCGTTGTCTGCACATCCTCGGGGACCGTCTGTTGTGCGGCAGCAGGGG  
AGGGGAGCGGGCGGTCTGTGCTCTTCTATTCCCTTCAGTACAAGAAGGTG  
GTTTGGGTTCTTTAACC AAATATACTCTTTTGTTTTTGCATAAAATCACC  
AGAAGGAATTGGTCTGTTGAATATATAGGAGTGGTGGAGAGAGTCGAAGA  
AGTGTTCCTGTGACAAAACACCGTTAAAAGTGAATTCATGGAGAACGCA  
CTGCAGTGACACAGAAGGGAAAACACGAAACATAAATAATTTGCCGATTT  
ATCATCGATTT CAGGGTCCTTTGGGCTGATTGCTTTCCAGTATTTCCCT  
TTGGAGAAAAACCGGTGAAAAATGG

FIGURE 10

SUITE 11

49/110

AB5B6FOR.txt

TCACCTGGCTTTGCTGCTCCAGACCCCGCAGGAAGCGACCCCCCTGGCCC  
CTGGCATCCCGCAGCCCCACACGCAGCTGTGCACGGCCCCACACTGGCGC  
CCCATCTGGGAATCTGGGGGTCCAAAGGGTCAGTGGAGTCAGGCGGGTCC  
AAAGGTCAGTGCGGTCAGGAGGTCCCCAGATGTCAATAGGGTCAGGGGGA  
GGGATCCCAAAGGCCAATAAGGTCAAGGGGAGAGATTCCAAAGGTCAGTA  
GGGTCAAGGTGCCCCAGAGGTCAATAGGGTTGGGGGAACCCAAAGATTAT  
AGGGTCAAGGAGTGACCCCAAAGGACATCAGGGCCACTGATTTGGGGTGG  
ATGGGAGAGGAATTTGGGGAGTTCAGGAGAGTTGGAGGGGATTTGGGAGG  
TTTTGGAGGAGACAGATGGGGATTTTGGTGGGAATTTGGGGAAGATTGGG  
TGGGATTTGGGATTTGGGTGGGATTTAGGTGGGGATTTGGGGGGATTTTG  
TCTCTGGGTGTCCCATAC

FIGURE 10

---

SUITE 12

50/110

AB6E4FOR.txt

CCTGAAACTTTGGGGTGAGCATCTCCATCAGCTCATCTGCAATGCAATGG  
GATCTTCCAGTCTTTGGGTTTTGTGCTCGTTGTGCCACTATTTTCATGGC  
ATCCTAAGATGGTGCTGTATTATTTTGTGACACTGTAAGAGACTGGAGC  
AGAAATTTTGTACAAATTAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURE 10

---

SUITE 13

51/110

AB6G8REV.txt

GTTCTATGATTTCTTTGGTCCGAATACCATGAAATCTGATATTTCCATTT  
CAGTATCTGAACTGGGTTCTCTGCTGGATCACAGTGGTCCACACAAAGAA  
GCAGAACAGTATATCGCTCGCGTCTTTAACGCAGACCGCAGCTACATGGT  
GACCAACGGTACTTCCACTGCGAACAAAATTGTTGGTATGTACTCTGCTC  
CAGCAGGCAGCACCATTCTGATTGACCGTAACTGCCACAAATCGCTGACC  
CACCTGATGATGATGAGCGATGTTACGCCAATCTATTTCCGCCCCGACCCG  
TAACGCTTACGGTATTCTTGGTGGTATCCACAGAGTGAATTCCAGCACG  
CTACCATTGCTAAGCGCGTGAAAGAAACACCAAACGCAACCTGGCCGGTA  
CATGCTGTAATTACCAACTCTACCTATGATGGTCTGCTGTACAACACCGA  
CTTCATCAAGAAAACACTGGATGTGAAATCCATCCACTTTGACTCCGCGT  
GGGTGCCTTACACCAACTTCTCACCATTACGAAGGTAAATGCGGTATG  
AGCGGTGGCCGTGTAGAAGGAAAGTGATTTACGAAACCCAGTCCACTCA  
CAAATGCTGGCGGCGTTCTCTCAGGCTTCCATGATCCACGTTTAAGGTG  
ACGTTAAACGAAAGAAACCTTTAACGAAAGCCTACATGATGCACAACAAC  
AACTTCTCCG

FIGURE 10

SUIITE 14

SUITE 15

ATTGTGTTGTTTCAGCAGAGCAATGCATCTGTGTGCCCATCCCCACTCCCACTTCACTTCACTTCTCTTCTTTCTTTCTGCAATAGGAAATCCATCTTGGAGGGGACGGGACACAGGCAGGCTCACAGAGGGGACCCTGGGGTAGCAGTCCCGGATTTGGGCTGAGGCCCATAGCAGTGACCACAGAATCGGTCATTTGTCCGTTTCATGGTGAAGATGGGAGGGGGTTTCAGCAGAAGCACTCCCTGGGACTCCCAGAGGGCTGTCTCAGAACCGCTGCTTTCCCTTGACAGAAGATGAACCATTTTTGTAGGGGAGGGTCCAGGATGTGGTTGCAGTGTGAACAAAGCCTGTGTGCTTTATAATTCCTCTCTGCTGCTGTCTCATTTCTGAGGGCTGAATGGGCAGCACGGCCAGACAGCAGTGGCTGCCGACCTTCTATGTCTGCAGTGCCCATTTGCAGGAAAGAGAAAAGAAATGGAGTGGGGTAGGGGCAAACAGATGCATTCTGCTGAACAACAAATCCGGTATTTTTTTTATTGAGAGAAATAACACAGGATTGTGAGCTGATTGCATGAGCGCATGCAGCGATGTCCCCCGTGTGCCCGGGCAGTGCTGGGGTCTGCACAGCCCAAACCTCCTCACAGAGCCGTATTGCAGAGCTTCACCCCAACGCCTGGGGCTTTTGGGGTGGGCACACATCAGAGGGAGGGACTGCGTTGCCCTCCATCTCCTGCACATTATGGATGGAGACGTAAAGGTTCTTCTGGCAGACCCACTGGTGTTCAACCTACAGACGTGCGCCCTCACTTTGTGTTCTGAAGTCCCGCAGCGATTCTCCATCACGGAAGGTATCAGACCTGCCAAAATAAGGCTGTTTGCACCAACCCGACTTGAAGGAGGCGGGCAATGGTTGCAGAAATACTCACTCTGTGCTGTTGTAGGAGGATTGTCCACCCATTTCCATTGATTTGTGGACACTTCTAATCCAATCCACACCGGCTCCGCACCTGCCATCTGCTGGAGGTGATCCTGGGAAATGGCACCAAAATCCTTCTGCAAGGGGCTGGAGGGGTGCAGAGCCACCAAGTCTGCCTTGTGGACCCCCAGCAGATGGGACTCAGACAGCAGCCATGCCTGGAATGCTGCCTGGCTCTGCAGGCGGCTCAATGGGTGGGAATGGCTTCAAACCCGAGATGGAGGCACCGGTGTGACCAGCTGAGCTCTGCTTCCATCCTTCAGCCTGTTTGAAGGTTGGGAGGGGACACAACCCCATGTCCCCACCCCTAGCCTGAACCTTGATGTCTTAACTCAAACCTAATGTGCGCAACCCAGCAGTGCCTGACCCCAACCCGTGTGCCTACTGCCATGTGTTGACCCCTAACCCCTAAAGGGCATAATCCAGACCCCAATCTCTCCAGTGATGCTTTAGCCCCATTTGGGTTTGAACCACTGACCCTCCTGCTGCCGCCAGTCACTCCAGAGCGGTTTTCTCCACAGAATCCACCAAACCCACACATTTTCAAGTCCCGTCCAGCTCCCTGCTCTATGCTTACCTCTTCTGCCTTCTTCCGGAGCACAGCCAGCTGAGACTGCAGATTTTCACACTTCATTTTTTGCTTGTGTCCAGTTCCCCTTTTCTGTGGAAGCTCATAGCATCGGTCCCCTAAAAGCCTCCAGAATGGGGACAGACGAGGCAGGAGGGGCTGGAGAGAAAGAGCCGTGAGCATCTTCAGGTGGGAGAAATCCCACCCAGGAGGATTTCTTGGGAAGGGCATTACCTGCAGAGCTGTTCCATGTGGATTGGCAGAAAGTACTGCTCAATGGAGGTATTCTCGCAGAGCTCTGTCCCATTCCTCCCGTTGGTCTCAGGGCAGTGCCGGGCAGCGCTTGGAGGTGGTGTTGTTTTCTGAAAGACTTTTGGGCACAACCTGGGGTGAGACGCGGCCCTATGGGGCCAACCCCGTGGAACCACGCAGGGTTGGGGTTGGATCCTCGAGCTCTTTTGCAAAGCCTTTCTGGCTATGGTTGCACTCA GTTAATTAAACTGTCTAAAACCATATTTTGTATATAATTAGACATGATGTTACTGCTTCTGTCCCCCCTTGGTTTAAAGAGCAGAGAGGCTCTTGCGAAGGAATCCTCTCACTGAGTGCCACTTTTGAAGATTGTTGTGTGATCACCCAAACTCCAGTGCAAGAGCCCCAGCCCACTTTGGGCAGAATGAATGTGTTTTCTGCTCAGAAGAGCTTCGATTTCTGTGCAGCAATGTGGTTGGGATCTGATCACTCACCGCACACGCTGAGCCCTGTCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCATGCAGGCTTTCTGGAAGTCCCACGGAACCTGGAAGAGCCACACTTATATAAAACAGACATTTTGAAAAAACTTTTCTTTTACAGAAATGATCTCCCTGTGAAAGAGCCCTCCACCAACCTGCTACGTTAGAGCAGAAGTTGATGGCTGCTTTGGTTCCCTTGAGAATTTGGGGTCCCCGGACCCTTCCCATTGGTTCCCATTGCTGTGTATGAGCAGAAGTTGATGCCTGTTTGTCTTCTCCAGTTCCGGGTCTCCCTGGACCCTTCCCAGTGGCTCCAGTGTTCCCAAGTGGGAAGGAGGTGGCAGCAGAGGGGTGACAGCAGCAGGAGCATGGGATGGGCTCCCC

54/110

B5FOR.txt

ACGCGTGGTTCTGGAGGTGGTGGAGGCCCTGCAGGCTCCATAGAGCATGG  
GGTGGAAGCTGAGCAGCCCCCAGGCTTTGTGAGCCGAGCCCAGTGTGGGG  
CAGCCGGTGGCTGGGAGGGCGGGGATGTCTGCAGCC

FIGURE 10

---

SUITE 17

55/110

B5REV.txt

CCCAGAACCCAAACCAGCATTGCTGGTGTCTCTCAGAGAACAGCAAGCCCC  
CAAACCAAGCCTGCGGTGAGCACCCACCACAGAGCATCCCTTACCGCG  
CTGCCGCTTAGCAGGAGGCAAACCTGCCCGTAGGATGCCTTAAATCAGCAT  
AAGTAATTTCTCATCCATGGCTCAGAAGTTCACGAGAACGGCCCCAAAA  
CGACAAAGTCCCGCAGCAACTTCTTGCTTTGTGACCAACCCGCTGCGCC  
TGCGTCCACTGCCAGGAAATGGCATTGGCTGGGCTTTGTTGTCTTGTTTT  
TGCTTTTAAATAACAACAAAACAAAACACAAACCCAAGAAATAAGGGTAG  
ATGTACCCTACAGCCTTTCCCTTCCGTGCGCAACGGCCGATGTCTCATTT  
TGCTGCTCTCTGAGGGATGGAAACGCCGCTGGGTTCAGCGATGGCAGTGA  
GCGACGCGGTGCTGAGCTGGGGGGTAAGCAGTGAGAAGCTGAAAAATCGC  
TGATAATAAAAGCCTAAAAATACCCAGAACAACAACAACAACAAAAA  
GACCCCAAATCGAGACCTTTTAGGGGTTCAGAGAGCATTGGCTGATAAGCG  
GGGATGGGGGAAGAAAGGCAATATTTGGTGATTCTGTGCCAACCGATGCC  
TCGGCAGCTGGAATACTGGGAGGGGATGGGTTTGACTTTTAATTACGGCT  
GTCTATTTCAGTAAGGCATTTAATTTATTGTCAGTCCCTTCTCTCCATGC  
TGGGTGCTGAGACGGCCGCTGCGCTTCTGTGTGCTAAAAAAGGTGTGAA  
AGGGCCCCGTGAGGGCTCTGCCTCATCCTGACCAGAGCAGGCAAAGAAAA  
AAGTGCAAAGAGCACAAAGAGAAAAAGACGTTAACCAACAGAACTGCGTCC  
AGACAGCGAGAAGCCCTTCTCCTTTATGTATCTTCATTACCAGAATTGCT  
TTTTCCCCCTTTCTGGGATAGTTTCATTGCTGCATCATCTGCTTCATT  
CCAATTCCCCCTCCTTAACCTGCCCATGGAAACATCTTCCGGGGGACAGAT  
TCATTGCTCCCCAGACTTTCGACACCTCTCCTTTGCATATTGCTGGTTG  
TGCCCATCCCTTTGCAAACCCATTCTTGGCCAACGGAGGAGAGGATGGAG  
ATGTGTGTGGTCTGTACGGGGTCTGCAGGAATAAGGGCTGCAAAGACA  
TCTCAGCAGCTGCTTTGCAGGCAGGCAGGATGCACTGATTCTTAGGGAGG  
GAGAGGTTATCTGTGCGGGGATGCAGAGTTTGGGCTGACCTGGAAGATCA  
GCCCTGTGCAAAATGTGGGTGAGCAGCAGAAAAAAGGAAACATTC  
CAAAGGAGTGATTTCCAGCAGGGAAAGGAGGGGAAGCTGCTTCTGGTG  
CTGGCAGCAAACTGCTGTGTCTCCATGGGAACCTCTGCTGGTGGGCATC  
TCCCCTCACCCCTTCCCTCATCTGCCCTGCAGCATCCACGTGGAAATCCCC  
CCTGAAAAAGCCCATTTTGTGACCATGCATCACATTTATTTTCGCATTCA  
GCATCAGACGGACACAGGCAATGGGTGGGGGATGGGGGGGGGTCTGAG  
GGTATATCTTTTGTGCTGAGCCAGTTTTGAGTCATGGGGGATAATTTTCA  
TCCAAGGGGAGGGGGGCATTTAACTGCAGGTGTAACAATGAAAGGCAGT  
GGGAGTTGTTGTGATTGCATGGGGGAAAGCACTGGTTTTTTCCATAAATT  
GGGACTGATGTGGCTGTTGTTGCTTATTTTTATGGGGGAGGGTGTGGGG  
TTTTTTTCCCCTATATTACATTGCATTTAATTTAGTCCTCTCTCATTGT  
CTATCCCTGGCAATGCTAGGACTTCTCCTTGTGTTTTCTGTTGGGCGAT  
CATTGCCACAGAGGGAGGAATTGCTTTTCATTTGGGTCACTGCAATGAGT  
TTTAGCACCCAGAAATATATCCTTATGGGTCTCTGCTTTTGGGGCACTGC  
TGATGGGTGGAAGTTTTGGTTTGCAGGTGAAGTGGAAGCCCCAAATGGA  
GGAAGTGAGGGAATATCCCCATGTTTTGGGCACAGAATGGAGCAGGAGGG  
AAGGTAACAGCCGAGCCATGCCCTTAACACATCTGTTTATTGTTATTATT  
ATTGTTATTATTTTATTGATTACTTCTTTAACTTGAGAACAAAGGGGAGG  
GATGTGGGTGGGAAGAAATGAGTCTCATTTCTTTTAGCACTTCCCTCAA  
GGGAAAAATTTGTGTTGTTGTTGAGCAGCAGGTGGACTTCTTGCTGTGA  
GCAGCCACATTTTGAAGAGTTCTGTTGTTATTAGCATTATTTATGCGAT  
TCTGTGATGTTTTTATTATAATTAATTGTAATGAATCCTCCCTGAGGCAC  
TGGATGGGGGAAAAAACAACATTTTGGGGTCTACTGCTCACACCTGG  
GGTGCATGTTGCCCATTTGAGGTCCCTTCTCCCATAGGTCCCAGCCGTG  
GGGCATGCGTTACCTTCCAGCTCACGATGGCAGCGGTGTTACAGTGCTG  
CTCATCACTGCTGTTGCCTTTGCAGGTGAGTGCTGAGGGTTCCAAAGAGC  
AGAGAAAACCTTTGGG

FIGURE 10

SUITE 18

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)



56/110

A52FOR.txt

TTCTCCACAGAATCCACCAAACCCACACATTTTCAGGTCCCGTCCAGCT  
CCCTGCTCTATGCTTACCTCTTCTGCCTTCTTCCGGAGCACAGCCAGCTG  
AGACTGCAGATTTTCACACTTCATTTTTGCTTGTGTCCAGTTCCCCTTTT  
CTGTGGAAAGCTCATAGCATCGGTCCCCTAAAAGCCTCCAGAACTGGGGA  
CAGAGCAGGCAGGCAGCAGGGGCTGGAGAGAAAGAGCCGTGAGCATCTTC  
AGGTGGGAGAAATCCCACCCAGGAGGATTTCTTGGGAAGGGCATTACCT  
GCAGAGCTGTTCCATGTGGATTGGCAGAAGTACTGCTCAATGGAGGTATT  
CTCGCAGAGCTCTGTCCCATTCTCCCGTTGGTCTCAGGGCAGTGCCGGG  
CAGCGCTTGGAGGTGGTGTGTTTTCTGAAAGACTTTTGGGCACAACCTG  
GGGTGAGACGCGGCCCTATGGGGCCAACCCCGTGGAACCACGCAGGGTT  
GGGGTTGGATCCTCGAGCTCTTTTGCAAAGCCTTTCTGGCTATGGTTGCA  
CTCAGTTAATTAACTGTCTAAAACCATATTTTGTATATAATTAGACATG  
ATGTTTACTGCTTCTGTCCCCCCTTGTTTAAAGAGCAGAGAGGCTCTTG  
CAGAAGGGAATTCCTCTCACTGAGTGCCACTTTGGAATTGTTGTGTGATC  
ACCCAACTCCAGTGCAAAGCCCCAGCCCCACTTTGGGCAGAATGAATGT  
GTTTTCTGCTCAGAAGAGCTTCGATTTCTGTGCA

FIGURE 10

SUITE 19

57/110

H82FOR.txt

CTGCGCTGGGGATCTTGTTCCTCCCTGGCAATGGGAACAGCTGTTGGGTG  
CCTTTTTTGGGAAAGATCTCTTTATCGGTGCATGAAGAATGAAGCGACTA  
ATGGGGAATGGAAGGAGTGGTGGCTGTTTGAGTAATTGACTGATAGGTTG  
ATGGAGGGATACTTGAATTAAGAGCTTTTGGCTCTTATCTCATTGCCCTCT  
GTGCACCAGGTTTGGAGTGGGCCAGGCCCTGGCACGGTCAACTTGCTCAC  
TGTTGGCAATAGGAACATTTTTTGGCCTCAGAGAGATTTTGTGGAGGA  
ATGGATGGATCATTTCATGTCCTGGTTTGTCTGGGGGGGACCAATGTGATG  
GATTAATTTTTTTCAGTATAAAAATAGTTTGTGAGGTGAACTTCTGGTGA  
CTGAGTGGATGGTTGGATGGAGGGATGTGAGTTTCTGTGGAGGGATGGAT  
GGTTGGAAGTTTGTGGATGCACTGTTGAGTGCTGGTGGGATCTACATT  
TGGGGCAATGGATGGATGGACTCTGAGAATATAGACTATAGCTGAGTTGG  
CAATGACCAAGAAGGACCATTGCGTTTTGTTTCTGGCTTCATGTAGGATC  
ACCCAGGAATTAAACCCTATGTCATGGTTTTGTAACCTCGCTATTGGTAT  
TCCACATCATAACATCATGGACAAAAGAGAAGAATAGCAAAGTTACAAAA  
CCATGACACCCTACTTCTGAAAGCAGTTTTGAAATGCTTGGGGAGCTGAA  
TGGTTGATGGTGTGGTGGAGTCGTGGGGGGGAGGTGTCCCTGTGGGGCAG  
TCCCTGGGAAGCTATAGCTATAAGTCACCCCAATGCCCCCTCTGTGTGGG  
AGTAGTGTGGGTGGGGGTCACTGGGATACCACAGTGGGGTGGAGCCCAGG  
GGAGTGTCTTTGAGGTGAGTGGGGGTGAGCAGGGCTCTCTAGAGGCCCTT  
TGGGGGGTCCAAAAGGAGTTGATGAGAGAGAGAGTGTGGGAGATCCATGG  
GGGGGTGCAGGCCTCAGTGCCCTCCATCTCTTGCCAGGTGCCCCAGGAA  
CACTATGGGTGGGGACACTGTGGCCCCGCAGTGCTCACCTGCATTGGGCA  
CCTCCCCATGTCCCCCTGAAGGCTACAACCTCATCTATGGACCCCCCGG  
TGGCCCCGTGAAGGTAATACCCCATAGCACTCCCTGAACTTCCCAGGGGA  
TCTCCCTGGGTATCTCCTGGGGTACCCCAACCCTCCTTGGGGACCTGCT  
CCCACCCTGGGGAATCCAAAAGTCCTCCACCACCCAAGCACCTAAGAAC  
CCCACTGCACCCCACTATCCCTTGAGGTCCCCAATACTCCTTTTACAGCA  
TTCCCATCCTCCTCCTTGGCCCCCTTATGCTCTCCAGAGACATTAAACAC  
CCCTGTAATGCCCTTAGGGACCCCTGCAGCAGCCCAATAATCCTCCCAT  
GTCTACCTCCAGACACTGCAGCTGCCCCCTGAAGCAACATCCAAGGAGCT  
GTGGGGCCTGGAGCCCAGTGGACGCTATAGGGTGCAGCTCTGGGGCCGGG  
GGCTGGAGCCCCTTGAGACCACCTTTGACACCCGTGAGCTGGGAAAGGGG  
GTCCTGTGGGTGGGAAGGGGCACTTGGGTGGAGGACTCTGGGATACCCA  
AATACCTGGATGATTTGGGGTGTGGGGACATATGGATGCTGGGTCTGA  
AGTATGGAGGGGGGTACCAAGGAATCTGCATCCTTGGGTGGGGAGCTCTG  
GGGGTCCCAAGTACCTGAATAATGGGTACCTAGTTAGGGGAATGCCTTG  
GGGTGGGGGGGGGGGAGTGGGGGAGGCTGGAAGATTTAGGGGAGGTTAATG  
AACAGGGACACCCAACCTGGTTGGGGCCACCTACACTGCTCTGTCCTTCA  
CACCCCTCCCCACCCACATCCCCGGGACTGCGCTGAGGAGCAGCTCAAT  
GGACCGGGGCCTTACGAGAGGTCCTCATCTCCTCGGGGGCGACCGGCA  
GCGGCCACTGCACGTCTTCTGCGACATGGAGAGCAATGGGGGCGGCTGGC  
TGGTGGGGAAACGGGGCGGTGGGGAGGGTGTCTGGTGGGCTCTAGGGGGT  
GCTATGAGGAGTCTGGTGGGCAATGGGGGTACAGGGTGGGGTGGCTGAC  
TCCATGGTTGCCATTATAAGGGTTGGATTGGCAATAAGAGACCTGTGGAG  
CAACTGGGGGCATTTGGGGTATCTGGGGAGGTTCTGTGGGGGTTGAGAAG  
CAATGGGGGGGGGGAGTGGGGGAGGCTGGAAGATTTAGGGGAGGTTAATG  
GGAAGGTCTTGTGGGGCAATTGGGGTAATTCTGGGAACCTGCAGGGGGATC  
CCAGTGTTCCTGTGAGATTACATACCCCTATACTATCCATGGGGATCA  
CAGTAACCCTCTGGAACATAAATGGGGGAGAACCAGGGAGCAATGGGG  
GGCTGTGGTGGATCTGGGAGGGGCAATAGGGTGCCTGGGGGGCAATATG  
AGGGTCTTAGGGTGCAATGTTGGGGGTCTAGGGGGAAGTAATGGGGGGTC  
TGGGGGCAGTGGTGGGGTCTAGAGGGG

FIGURE 10

SUIITE 20

58/110

Conti224.txt

GGAGGGAGCACTCACCCAGGTCTGAAGCTAGTTTATCTGCAATGAAACAA  
ATAAGAAATGCATGATGAGAAGGGTCAGAATATCATCCCATGGCTGATCC  
CATGGGAAGACCCCGAATCTCTTTGGTTTGCGGAGGAGGACTCACCCAAC  
TGTGCATTCCCTCTCTCTGCAAAGGGAAAGCAGAAACAGTGTGTGGTGAG  
AGGAGCAGCTCATCCACACATCGCACAGGAAAACCCCTTTTTTATTTA  
ATTTGGAGGGAGGACTCACCCAGTTCTGAAGCTAGTTTCTTTGCTAAAGA  
AACAGATAAGAAATGCATGATGAGAAGGATCAAATTATCATCCCATAGGA  
ATACCCAGATCTCTTTGGTTAGCGGAGGAAGACTCACCGAACTCTGTGT  
TTCTTCTCTCTACAAAAGAAAGGCAGAAACAATGCATGAAGACAGGAGCA  
TCTCGTCCACAGCTCCCAAAGGAAAACCCCTTTTTTGTTTAATTTTAAA  
GGCAGCACTCACCCAGATTTTCAACTAGTGTCTCTGCAAAAAGAAATCAAAT  
AAGAAATGCGTGATGAGAAGGGTCAGAATATCATCCCATGGCTGATCCCA  
TGGGAAGACCTTGAATCTCTTTGGTTTGCGGAGGACTCACCCAACCTTGC  
ATCCCTTCTCTCTGCAAAGGAAAAGCAGAAGCAGTGCGTGATGAACTGAA  
CAGCTCATCCACAGCTCACACAGGCATCCCTCATTTTGTATTTTGTGTTG  
GGAGGGAGGACTTACCCAGTTCTGCAGCTAGTGTCCCTGATAAAGAATCA  
AATAAGAAACGCATGACGAGAAGGCTCAGGTTATCATCCCATGGCTGATC  
CCATGGGAAGTCCCCAAATCTCTTTGGTTTGAGGAGGGAGACTCACCCAA  
CTTTGCATCCATTCCCTCTGCAAAGGAAAAGCAGAAACAATGCATTATGA  
GATGAATGACTAATTGCACAGCTCCCAAACATTAAAAAAAAAAAAAATAG  
TGGGAAGGGAAACTCATCCACTATCGCAGGTAGTTCTGCTGGAAAAGAAA  
GAGCAGAGCAGTGCATGGTCAGAGAGGACAGCTGCTCATCCACAGCTGA  
TGCCATGGGAGACCCTGAATTCCTCACTTTGGGGAAGGAGACTTACCC  
AACTCTGCATCTTTTCCCTCTGCAAATAGAAGCAAAGGAAATGCATGGT  
CAGAGGGAACACCTTCTCATCCCATGGTTGCTCCCATGCCAATACCCCA  
AATCTTTGTTCTGGTAAG

FIGURE 10

SUIE 21

59/110  
Conti508.txt

CAGTGACAGTGCAGGTGGAGGGACACGGCGAAGGGACGCTGACGGTGGGT  
GGCTGCATGGACATTGGTGTCTCATCTCCAAGACCGATGTCCCCTCACAACC  
TCCCCTCATGGTGTCCCCTCATGCTGCCACGGTGTCCCCTGCTGTCCCAT  
CATGGTGTACGCTGTCCCCAGGTGCTCCGCCAGTTCCGCCTGCTGTAC  
CTCCGAACGCCACGTGCCAGGCGCTGCACCTGGAGGTGGCCATCACCGGC  
CCCATCCTGTACCATGGTGAAGCCCCACCCAAAGGCCCCGCCCCCTTTTC  
CTCGCGGGGGCGGTGCCCTCAACCCTGTTTTGCATATCCCAACCCCAAGC  
AGATGAGGACTACGAGGACTACGAGGACTACGAGGAGGCGGAGCCTAAGG  
AGGGGGAGGAGCCTACGGAAGGGGCGAGTCCCCGTGGAAGGGGCGGGGCCA  
GCAGATGACCCCGCCCCCTCAGCCCCGTGTCTTATGGGATGCCCCGTAA  
GCGGCAACGCCCGCAGCACACATAACCCTGCCACGAGGTGGCCTTCCTGG  
TCTGCTTCCGGTGAGGGGCGGAACCTCCTGTCCCTGGGGGCGGGTCTTCC  
TGCTGATGGGCGTGGCCTGTTGTAGGCGGAGCCAGGGGTGGCACTGACT  
GGGATGGCGGTGGTGGAGATCACTCTGCTCAGTGGCTTCTACCCCATAG  
AGCTGACCTGGACAAGGTAGGGGCCCAGGGGGACTTGTGGGACATGTTGG  
GGGGTTGAGGGGAGTTATGGGGTGTGGGGTTTGGGGGTGTTGGAGTTGTT  
GAGGTGGCAGAATGTTTGGGTTGGAGTCATGGGATATGGGG

FIGURE 10

---

SUITE 22

CCACTCTTGGGTGAGCTGACAGCGTCCCACGTCAGCCCCGACTCCGTCCA  
GCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTTGACTCCTTCACGGTGCAGT  
ACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGGCCGTGGACGGTGGGTG  
CGCACAGTGACCGTGGCCGGGCTGTGCGCGTCCCGCCGCTACAAGTTCAA  
CCTGTATGGGGTGTGGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCCATGTCCACTGATG  
CTGTCACAGGTGAGCATGCTGTGTTCTGCCTCCATGTTCTTTTGCTTTCA  
GTGTAGTTGTGTCATGTGGCAGGAACCTTTCAGGGCCACTTTTGGTTAATGT  
TGCCTTAATAGTCAAGGAAACAATTTGTTCTTGTTGAGTGGGAATGCCTA  
ACGGGATGGGAGTTTGGATGATGAGAGGACAAATCTTATAAGGGATGATT  
GATAATTATTGCGGAACGGATGGAAGGAAGGTTGGATGGATGGAATGGTG  
TTTGGATAAATTTGTGCTCAGAGCACAGCTGGAGTGTGGATGAATGTTG  
CTTTGCTTGTGTTGAATGGATGTTTGGTTGTGTGGTTGCTTCCACTGA  
GAATTCCTCCCTCTGTGCTGCAGCAGCAGCTCCAGCACAAAGAGGAGCCAC  
CTTCCCCACCACGTCTGGGTGAGCTGACAGCGTCCCATGTGCGCCCCGAC  
TCCGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTTGACTCCTTCAC  
GGTGCAGTACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGCCCGTGGACG  
GTGGGTTGCGCACAGTGACCGTGGCCGGGCTGTGCGCGTCCCGCCGCTAC  
AAGTTCAACCTGTATGGGGTGTGGGGGCGGAAGCGTCTGGGCCCCATGTC  
CACTGATGCTGTACAGGTGAGGGCAGGAATTGGCACCTGGTGGGCTCTG  
GGTTTGCAGCAGGTAGAAATGTAAACGTGGCCTGCGCTGGGGATCTTGTT  
TTCCCCTGGCAATGGGAACAGCTGTTGGGTGCCTTTTTTGGGAAGGATCC  
CTTAATCGCAGCATGAAGTATGAATGGACCAATTGGGTGTGGGTGGAGTG  
ATGGCTGTTGAGATGAGTTGGTGGCTGCTTGAGTAATTGTCTGTTGGAAT  
GGATGGACAGATATGTGAAGGAGTGAAAGGATGGATAAAGTAATTTAGGA  
ATCGGTGGATGAAGAATGGGTAGGTAGACCCTTGGTGAAGTGGTAGAATG  
GAAGGATTTATGAACAGATATGAGTTAATTCTTGCATCGAAGTAGGTGTA  
AGTGTCTATTAGCCTGTTGCACTGAACATGCAGTTGCATAGACAAATGAG  
TGGGGAGAAGTACGGAGTAAATCCCTGCATGAATGGTAGGACAGAAACCT  
GAATGCCTGGATGCTGGCAGTGTGAAGAATGGCACTTGGGATAGATGGTT  
CGAGTATGGGGTAGATTAAAAGATGGATGGAAAAGAGGAACAGAGAGAGG  
GTGATTGGATGAATGGATGGATGGTTGGATGTGACTGATTGACAGGTACC  
AAGCTTTTTTCTGCACTGTGCCTTCTGTGCTGCAGCTGCAGAAGAGACG  
GAGGAGGAACCACCGTCCCAGCCACGCCTAGGAGAGCTGACGGCATCCCA  
TGTCAGCCCCAACTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCATCCCTGAGGGCTCCT  
TTGACTCCTTCACGGTGCAGTACATAGACGTGCAAGGCCAGCCGCAGGAG  
CTGCACTTGGATAGTGGGTGCGGCACAGTGACCGTGTCTGGTTTGCTGCC  
ATCC

FIGURE 10

SUIITE 23

Conti534.txt<sup>61/110</sup>

GCACAGAAGGAACCGCCATCCCAACCACGCCTGGGTGAGCTGACGGCCTC  
CCACGTCAGCCCCGACTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCT  
CCTTTGACTCCTTCACGGTGCAGTACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAG  
GTGGTGCCCGTGGACGGTGGGTGCGCACAGTGACCGTGCCCGGGCTGTC  
GCCGTCCCGCCGCTACAAGTTCAACCTGTATGGGGTGTGGGGCGGAAGC  
GTCTGGGGCCCCATGTCCACTGATGCTGTACAGGTGAGCATGCTGTGTTC  
TGCCTCCATGTTCTTTTGCTTTCAGTGTAGTTGTTCATGTGGCAGGAACCT  
TTCAGGGCCACTTTTGGTTAATGTTGCCTTAATAGTCAAGGAAACAATTT  
GTTCTTGTTGAGTGGGAATGCCTAACGGGATGGGAGTTTGGATGATGAGA  
GGACAAATCTTATAAGGGATGATTGATAATTATTGCGGAACGGATGGAAG  
GAAGGTTGGATGGATGGAATGGTGTGTTGGATAAATTTGTGCTCAGAGCAC  
AGCTGGAGTGTGGATGAATGTTGCTTTGCTTGTGAATAGATGGATGTT  
TGGTTGTATGGTTGCTTCCACTGAGAATTCCTCCCTCTGTGCTGCAGCAG  
CAGCTCCAGCACAAAGAGGAGCCACCTTCCCCACCACGTCTGGGTGAGCTG  
ACAGCGTCCCATGTGCGCCCCGACTCCGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCC  
CGAGGGCTCCTTTGACTCCTTCACGGTGCAGTACAAGGATGCACAAGGCC  
AGCCACAGGTGGTGCCCGTGGACGGTGGGTGCGCACAGTGACCGTGCCC  
GGGCTGTCGCCGTCCCGCCGCTACAAGTTCAACCTGTATGGGGTGTGGGG  
GCGGAAGCGTCTGGGCCCCATGTCCACTGATGCTGTACAGGTGAGGGCA  
GGAATTGGCACCTGTTGGGCTCTGGGTTTGCAGCAGGTAGAAATGTAAAC  
GTGGCCTGCGCTGGGGATCTTGTTTTCCCCTGGCAATGGGAACAGCTGTT  
GGGTGCCTTTTTTGGGAAGGATCCCTTAATCGCAGCATGAAGTATGAATG  
GACCAATTGGGTGTGGGTGGAGTGATGGCTGTTGAGATGAGTTGGT

FIGURE 10

SUIITE 24

62/110

Conti547.txt

CTGTGTCCCCAACCTGCTTGGTGTTCCCGCAGGACACGCTGGTGGCCCTG  
GAGGCGCTGGCCCAGATGTGGCTGCACTGGGGCCGTGGGAACACAATGGG  
GCTGAACCTGGGGCTCTCCTGGCCGGGGGGTGGCCGGGGGAGGGCTGGTG  
GCACTCAGGTTATGCTGAAGCCGGGGCTGGAGCCGCTGGAGCAGGAGCTG  
CAGGTGGGGACATGGCGGGATGTGGGGACACGAGGGATGTGAGGACACTG  
GGGACATGTCTGGACTTGGTAGGATGTAACATGAAGACACTGGGGACATG  
GTAGGACATGGGGGACATGAGAACACGGGATGTGGGGGACATGGTAGGAC  
ATGATGGACACAGGGCTTTGGGGTCCTTGGGTCTCGCTCTGTCCCCATG  
TCCCCAGGTGCCTCTGGGCAGCCAGTGACAGTGCAGGTGGAGGGACACG  
GCGAAGGGACGCTGACGGTGGGTGGCTGCATGGACATTGGTGTCTCTCC  
AAGACCGATGTCCCCTCACAACTCCCCTCATGGTGTCCCCTCATGCTGC  
CACGGTGTCCCCTGCTGTCCCATCATGGTGTACGCTGTCCCAGGTGCT  
CCGCCAGTTCCGCCCTGCTGTACCTCCGAACGCCACGTGCCAGGCGCTGC  
ACCTGGAGGTGGCCATCACCGGCCCCATCCTGTACCATGGTGAGGCCCCG  
CCCCCTTTTCCTCGCGGGGGCGTGCCCTCAACCCTGTTTTGCATATCCC  
AACCCCCAGCAGATGAGGACTACGAGGACTACGAGGACTACGAGGAGGCG  
GAGCCTAAGGAGGGGGAGGAGCCTACGGAAGGGGCAGTGCCCGTGGAAGG  
GGCGGGGCCAGCAGATGACCCCGCCCCCTCAGCCCCGTGTCTTATGGG  
ATGCCCCGTAAGCGGCAACGCCGCAGCACATAACCCTGCCCACGAGGTG  
GCCTTCCTGGTCTGCTTCCGGTGAGGGGCGGAACTTCCTGTCCCTGGGGG  
CGGGTCTTCCTGCTGATGGGCGTGGCTTATTGCTGAGGGGCG

FIGURE 10

SUIITE 25

63/110  
Conti548.txt

CCTCTGCTGCTTCCAGAGCAAAGGAAAAGGGAGAGGGGGGCTCCCACCAC  
CCTATCCCAGAGCATCAGATGGGCAATGGATGCAGCAGCTCCGTGGGTCG  
TGGAGGTGGCACGTGGCAGGAGCGAGGACGGCTCGGAGATAACCGAGGTCA  
TCAGCCACCGAAACCATCTCAGGAAAGGGAATTTCCACACAAAACCTCCAT  
TTGGAGCACCTGGCAGAGAAGCTGAAGCTTTTGGAGCTGGATGGAGACAG  
AGGGGAGAAGGAGAACTCTGCTCGTGGCGCAAGAGGACATTCCCCTCCA  
ATGGACCACGGGATGATGGAGGTCCCCTGGAGCCCCCATAAAGGAGTCA  
GTGCAGGAGGATGTGGTCAGCCCTGTGTTATTCCCTAAAGCCCTGTTTAA  
TCCTTCATGTCCATGCTGAAAACCTTCTTCTCTGCGAAGTCCAACACATTG  
CATCTCTTCCCTTCTTTCTCCCATCACAATATCCTCCCCAAACCCCTTTT  
TCTTCCTCCAGGAGCAGATTACAGCGATCTGGAGAACCTCAAGAAACAA  
AAGGAGGAGCTCTTAGAACTCAAAGGAGTGGGGAGAGGCGATGCCAAGA  
CCTTCTGGTAAGAAGCTGTTGCCTTCAAGCTGGAAAAACAGAGGTCTTTT  
TGGGGTCCACGTTGTTGATTTTCCACAACCTACAGACACGGACGGAGGCT  
GAGAGGCAGAAAATTGTGTCAGAAATTCGTCAGCTCCGCCGTTTTCTGAA  
GGAGAAGGAGATGGTGCTCGTGGCACGGCTGGGGGAGCTGGACAGGGCTG  
TGCTGAGGAGGCAGGAGGAGGAGGAG

FIGURE 10

SUITE 26



64/110  
Contig51.txt

AGCCAGCACTCTGCAGTCTTCTATCAGTTCCAATAGAGGAATTTGGTG  
GTAGAAGGGGCTGGAAGGACTCACTCTGCTTTGTGGTCTCAGCTGCTGGA  
AAACAAAGCAGAGAAATAGCTGGTCAGCAGGGCAGCTTGGTTTCTGGGA  
CGTCTCCAGAGGGTCTGGACCTTTCCACCTGCCCCACGGTCCACCCACAT  
TCCTATCTTTCCGCCCACACCCCTTTTCCCTTTCCTTCATTCCCAATCA  
AACGGCAAATGTTATTTAATGACCACTGTCAATCCCCAGAAAAATCTCCC  
TTTCTCCTGCATACCTCCACGGACCTGAGCTCAGCACCACCCCGACCATC  
CCTATCCCTGCTCAACACCTCCCTGTGATCCATCCCCTCCATGCTCAACT  
CACCTTTCTTCTATAGAGAAAAACAGTGATGACAAATGACCCAACCAGA  
ATTGTGACGATCACAGCCAGAGCCACCTTCCAGGGATGGGTGATCTGGGA  
AAAGGGGTCTGGAAAAACATCAGGACAAGGGTTCCTTTTCCATTCCCAT  
AAGTGGAAAAGCAAGACTCAGCCTTGGGACATCACAGAACCCAAAGGGGC  
AGCAACCAGGGAGCAGTGATGCACAATGACGGCATCCCCATATTGGCACA  
GGTGGAGGAGCTGCTCAGCATCGTGTGCCCACTGCCACTGAGCCATGGAG  
AAACCCATCCCAGAAATCCAACCCAACCACCTCATCCATGCAGACTTATC  
CACAAATTGCACTGTGCACCTGCTCCAACACCAGCATCTCATGGAACAAT  
TTAGCTCCGACCTCTTCAAAGGCTGCTGTCTTCAGCTTTCCATCCATG  
GATGTGAGGATGAGGATGGACAGAGGTCGGGGTGGGACACACAAACCCAG  
CAACACCTGGAGGCGTCACCCAGCCACTGACCTGACACCTCCAGGTCCA  
CCACAGCGTCTGCA

FIGURE 10

SUIE 27

65/110

Contig99.txt

CCCAGCAAGGCCAAGCGCCGCCATAACGTCAGTGCCGGTGAGACTGTCTG  
ATGCGGTTGCGCGAGGAGAGTCACTGAACATCGGTGATTTAGGCGCAAAG  
TATTTAGCGATTGATTCGAGGTTTATTATGCGGCTTCCTTCTGTGGCTGG  
TGGGTTTTGGTCTGGCTGTGCTTTACTATTGGCGGCATGCTGGCGCGCTT  
AACGCTTTCGGCCTGGTATCGGGTTATCTCGTCTCTGGTCATGATGGCCT  
CCGATTCCAGGCGCGAATTGCATCGCGCTTTGTTGGATAGGTGTCAGTTA  
TCGGCTTAATCAAGCATTGCTTTGTTGAACAACCGGCGTAGACACCATCA  
CCATCAGAAAAAAGTTCTGCGCCGCCACAGAACGGACACTCAAGCAG  
AAAAGCCCAATGAGGTAGCTTGAGATCGAATATCATTGGTTTTATGCTGC  
CTCCCGCTGTTTTAGTGCTTTGAGCTTGTGCGGGTACTCATCCGGATCC  
GGATGAAGTCTTCACGGCGGTAGTTGGTCATTTTCGTGGGGACCATTGAGC  
CAGTTGACGTATCCCTGACCGTAACGAGCGACCAACCCAGCTTCGTATTG  
CTGCGCCACGGTCGCCTCTTTGGCGGTGTACTTGCCAGCTCCGGCATTAC  
AGGATTTGCACTGCTTATGGGCGTTGCGTTCTTCAAAGCGCAGTTCAGGG  
TAAGCACCTACTGTCTTGAAATGGCCGCAATCCCACTGGCCACCATGCAG  
ATCAGGCGGATTGGTCTCGCCGCAGCTGATGCATGGCAAATCGGCGTCGC  
GCGCACGGATAAAGGCGTTGAAAGCTTTCTGAGCCTGAGCCTTGTAGTAT  
CCGTCTGGCCTGAGCTCTGCCAGCCGCTCCTTGCGGCGTTGCGCCCGTC  
CTTTTCAGCCTCTTTTTGCTCCTTGATGCGCTTAGCCGCGGCTTTACCT  
TCTCCTTCTTGCGTTCTTCCATTGCGAGGATTGCGCCATGCTCCGGGG

FIGURE 10

SUITE 28

66/110

ContigB5.txt

CCCTATGGGGCCAACCCCGTGGAAACCACGCAGGGTTGGGGTTGGATCCT  
CGAGCTCTTTTGCAAAGCCTTTCTGGCTATGGTTGCACTCAGTTAATTAA  
ACTGTCTAAAACCATATTTTGTATATAATTAGACATGATGTTTACTGCTT  
CTGTCCCCCCTTGGTTTAAAGAGCAGAGAGGCTCTTGCAGAAGGGAATTC  
CTCTCACTGAGTGCCACTTTGGAATTGTTGTGTGATCACCCAACTCCAG  
TGCAAAGCCCCAGCCCCACTTTGGGCAGAATGAATGTGTTTTCTGCTCAG  
AAGAGCTTCGATTTCTGTGCAGCAATGTGGTTGGGATCTGATCACTCAC  
CGCACACGCTGAGCCCTGTCACCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCACC  
CCCAGCATGCAGGCTTTCTGGAAGTCCCACGGAAGTGAAGAGCCACAC  
TTATATAAAACAGACATTTTGAAAAAACTTTTCTTTTACAGAAATGATC  
TCCCTGTGAAAGAGCCCCCTCCACCAACCTGCTACGTTAGAGCAGAAGTTG  
ATGGCTGCTTTGGTTCTTTGAGAATTTGGGGTCCCCGGACCCTTCCCATT  
GGTTCCCATGCTGTGTATGAGCAGAAGTTGATGCCTGTTTGTTCCTCC  
AGTTCCGGGGTCCCCTGGACCCTTCCCAGTGGCTCCCAGTGGTTCCCAGC  
TGGGAAGGAGGTGGCACAGAGGGGTGACAGCAGCAGGGAGCATGGGATGG  
GCTCCCGCTGGAGGTGAGATGGACACAGGGACATCACCTCCACGCGTGGT  
TCTGGAGGTGGTGGAGGCCCTGCAGGCTCCATAGAGCATGGGGTGGAAAGC  
TGAGCAGCCCCCAGGCTTTGTGAGCCGAGCCAGTGTGGGGCAGCCGGTG  
GCTGGGAGGGCGGGGATGTCTGCAGCCCTCATGCCACGTGGATGCAGGGT  
GCGTTTGCCACCATTTTATTCCATTCTCTCACATTGGGCTTCCCGATCTG  
GGCTGATTTTTGCTCAAACCACACACCTCTGGCCATTCCCAGGCTTCC  
TTCTCCCCCACCCTTCTTTTACTCCCCCATAAAGCCAGGGTGGACCCA  
GAACCCAACCAGCATTGCTGGTGTTCCTCA

FIGURE 10

SUIITE 29

67/110

COSMIDE.txt

CCGGCATCACCGGCGCCACAGGTGCGGTTGCTGGCGCCTATATCGCCGAC  
ATCACCGATGGGGAAGATCGGGCTCGCCACTTCGGGCTCATGAGCGCTTG  
TTTCGGCGTGGGTATGGTGGCAGGCCCCGTGGCCGGGGGACTGTTGGGCG  
CCATCTCCTTGCATGCACCATTCCTTGCGGCGGCGGTGCTCAACGGCCTC  
AACCTACTACTGGGCTGCTTCCTAATGCAGGAGTCGCATAAGGGCATCGG  
TCGACGGGATCACGTTGTGTCCCTGAAGCTCTCCTGTACCCAAACACAAA  
GGTGATGTCCCCAGCATCCCTATCCCAGCACTCTGGGGGACTCCTATTGA  
ATTCTCCTTGGGCTTGCTGCCTTCTCTTCCCGTTCCCAGAGATCCCAAA  
AGGTTAAGCACCTTTGGGTGAGTGTTCAGAATTGTCACTGCCAGTTTTGG  
GGTATCAGTGGCAAATTGAGACCCTTTTACCCAATCTTGCACCACTCTGG  
TTCCCCAGTCTTATGGTTTTAGATGGAGTAAAAAGGTTTATATGTCATAA  
AGTTCTTCTGTGTCTGGTTATTCGCTGCTTCTGGATGCCAGGATCATGGG  
GATAAGGGGAAAAACAATGGGTTCTCTTATGCGTAGAGATGCAATCAGATG  
GGGAGAAAAAGAAATCTTAATCTTCTGATCCATCTGACAGATATTCAAT  
ACAGCCCTGAGGATGTGGGAAATAAATCTGAAGAGTTTGTGGCAGTTCC  
AAGGATTTGGAATGACTAAATCCCATTCTGGTGTCTGCACAAAGTTGGC  
TGTGTTGGAACCCAGAAAGATCCATGCAAGTGGGTGATCCCTGAAAGCAT  
TGTGTTCTGCTGTCTGCTAGCGGAGAGAAAGACACAGAGGGGAAAAATTA  
GTGTTTTATTGTTAATTATTGTACACTCTGAGGTTTCAAATACCAAATCT  
TTAACGAGAGCGGACCACTTGATTTGAGGGTGACCATCTCAGATGGGGAC  
AACTGTACCTGATCAGGCAAACCTGGGGGAAATTTGCCTTTCTGCCACTC  
TTTTGGGTGGGATTTTCCCTTTTGACCACCATTTTCTACATTCTAATCAC  
CCATTGCAGCACTTCTCCCTTTTCTTGGCCCATTTTCTCCTGCTCA  
GCATTCTTAACAATATAATATAAATCAATATCATATCAATATGATTCTA  
TGCCAATAGATTAATGGGGATGAAAGACACATAAAAAACCAAGTCCTCAT  
TTCATCTGCTTCCCATGGGATGGGTGGGAGGTGGCTGTCCCTGAGGCT  
GTAGGATGTGGGGTCACCCTTGTCTGTCTCAGGGACACAGCCTCAGCT  
TGGACCTGACCCCTACCACCCACAGCCACGGACGGACCCCTCTCCCCAGAG  
AAGGATGCATGGGAAAAAACAAAGATGAGCCCCCTTCATCAGCATCAAA  
AAATGCCACCGTCCCTCCAGCGTAGTCCAAGTGGACGCTGACCCTCCTGG  
GACCCAGCGCAGAGCTAACAGGGTCACCTGTGGGTGGTGAGTGCCCGG  
ACCTGTCCCCCCTATTTCTCCACCCCAATCCCCCTTTGGGACAGAG  
GCTGAGTTGACCCTTCCGAGGGATGGATTCTCGGGCCACACCGATGGCCC  
AGTCCCCCTTCATCCCCCACTTCCACCTCCCAGCAGTGCCGGCCGGCAGAG  
AAGCTTTGGTGGCCCAAAACAAAGGGCCAGTAGGCGAATCTTCGGGGTT  
ATCAGGAAGGTCTGTTGTCTTCCCCACGTTTCACACTCTTCGGTCTT  
CGGAGAGGATGAGGTGAGGTGAGCGGTGTGCGGGTCCAGGGTGATGCTG  
GCTGTGGGGTGGAGAGGATGAGGAGTGTAAGGTTGGGTCTCGGTGCTG  
AGGCCATGAGGATGCGGAGAGCTTGGATCTCCAGCACTAAAGGAGTTGGA  
TGTGCTCTAGATGGCCCCACCTGAGTAGGGTTGAGGGTGGGACCGTCCC  
TTCCAACCTCAGCCATTCTGTGGGGCCATGGGTGGCATCGGAAGGGTAA  
AAAGTACCAAAGAAGAAAGTAAAAAGGTGAGAGGTGGAACCCCTCTCAT  
GTGCCCCTGCTATATGACAATAAAAGTGTTTTGAGCCCCCAGAATGCCCA  
GAAATAAAGGCGTTTCTGCAGACCTTCTGTTCCATTGGTCAAAAGAAATG  
GTGAGGGGAATAAAAATGGAAGGAAGGAGATCTATGGGATATTACCTGCA  
AAGTCTGCAGTGCTTCATCTCCTAGACCAACCCGGACCAAGTTACGCCAAC  
CCCATGGTTTTAAAAACAGAGCTGAAATCTGAAGGCAGGGATAATGAATG  
AGTTCAACCCGCTCACCATATTTGTTTATGGGAAATGGATATTTATCAAG  
GCGAGGGATCTGCCCTGGGGCCATCCCAAATTACAGCCAGACTCGGC  
CTGCAGGGTGAAGAAAACCTTGTTGGCTGCCCTGATTTTTGTGTATTCTT  
CCCTCGGCATCTATTTTTGTCCATTGGGTACAGCCTATGGGTCCAGGCG  
CGCCTCCATCTAACAGGTAATGCGGCTTTAGGTTCTCATGCTCAGCAAAA  
GGCACTTTTAGGAAAGGTGAAGCTGGAGGGGTGCAGAGCCGGAGAGCAGC  
CCGTCTTACCCCTGAGCACTTCTCAGGAATTACAGCAAAACGTGTAAT  
TAAGAGTGGCAAACGGGGTATCGAGTCCTTCGGGTCTCAATTATTTTCT

FIGURE 10

SUIITE 30

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLÉ 26)

[illegible]

FIGURE 10

---

SUITE 31

69/110

COSMIDE.txt

ACCCTCTTTTAGTTCTCTCTTGGTTCTACAATCACCAACCTGTGTGTA  
TTTTGGTGTGCTGCCTGTTCTCTTTTGGGCTTTCTCAGAAGAAAATGGGT  
TTTGAGGGAATCCATTAGGTGAGTCCTCACCCCAAGCAGCTCTTCTTCA  
CTTTGTTGGCCCAAAGCTGACCCAGAGCCATACACCCAAAGCAAACCCAG  
AGCCGTACACCCATAATGAGGCAGGAAGTGGAGTGTGCAGAGCACATCTT  
TTAATTAAAATTAATATCAGAAACGTAGGCAGAGACCAGCTCCCCACAC  
CAGGCGTTGCTATTTGCAGTGAAAGGCCGCATACCTTGCAGGACACCCC  
AGATCTGCCCCACGATTGATGTCAAATAGATGCATAAATTCTTCCAAG  
TCTTCAGTGCTCTCTGGTGGTTTCCCCACCCTGCAGAGGGACCGCCCCGG  
GGCTCCCAATGGGGACAGACACAGGGCAGAGCAGCGGGTCCCCTTGGCAC  
ATTGCTCCAAGCAACCACAGCACACATCCCATCAGATGCCCTTTTCATAA  
AGGACATCTCAAGGACAGATCTTTAGGGGAGATCTAAACCCAACCCAATC  
CAAATGGGACATCAGCTGCCACTCGTGGACTGCTCCTCTGAGGGGGGAT  
TTTGGGTGATCTCTTGCAAGCGAGCCCCAGCCCTATCTTGAACAAGGGG  
AGGACCTTCTCCCCATTGAACAAAGCCCTGGTGTACACCAAGATGGGGGT  
GTCATCATCCGAGCTGAAGAATGCCACCCGACCCCTTCGTAGTCCAGGG  
AGACCCGAATCCTCCTGGGAAGTGCATTGACAGCTAGGTGGCACGGGGA  
GACGTGAGGGAGTGGTAGGCCTCCAGCGCCCAGACACCCTCTTGGGGCT  
GAAGCTCATGGGTCCCTTCTCTTCATCGAAGCCCGGGCCACCCCCAGGG  
CCCACACCCCCCTGTCCCACCTCCACCTCCCAGAAATGCCTCCCCGAG  
GTGAAGCCCTGGCAGCCCAACACGCAGGGCTCGAAGCTGAACCTCTCGGG  
GTTCTCGGGGAGGTCTGTGGCACCAGTTGGCCCCGGGCTTGTTTTCGGT  
CTTCAGAGAGATGGAGGTTGGGGTGAGCGGTGGTGGGGTCCATGGTGACG  
TTGGCTGTGGGACATGAGGGGGAATGGAGGTAGGATTTAGGCTTGGGGGG  
AGCTGGAGAGGTTCTCTCTTCTGTCTTTCTCTGGGTGCTTTTGGA  
CATGGGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG  
GGTCTTTTCCAACCTTTGTGATTCTATGGGGTGTGTGGGGCTCCACCAGC  
CTCAGTGTCCCCAGTAGAGATGTAGGAGAATGGGGAGAGGACAAATTTT  
AGGGCAGCATAATGCGGGAGGGACAAAGACATGGGAAGGGGACAGCTTGA  
CATTACGGAGGGGAAGGGGAAGCACAACACTGTTAGGTTTTGCCTTGA  
ATCTGTTACTGGCTTTGTAGGACCACCAGCATCAGGATGCTGTCCCCATT  
CCCTCCCTTCCCTGTGGGACTGCGTTGTTTTTTCCCAAGAAAACCACTCC  
CCACCCACATCCACCACTGCTGACATACCTGGCTCTTGCAATTGAAACA  
TCAGGCTGTCTGAAAAGGAGAACAAATTAATGCTGCTTGGGTTTATGCTTC  
AGGAAAAGGGGCTGGGAGATGGGGAAGGGAAACCATGGGGGTCTGGGGGC  
TTCGAGTGCAAAAGCTCTGGGTTTACTGCAAGAGCCCCACGACCTCCC  
AGACCTGGAGGAGACCCCGACCCCATTCAGTACCTTGGCACTTCTGCAGC  
GTCAGTCTCACCAGGACGTTCTCTGAAGGAAGTCTCCAACCTTCTTTC  
CAGAGTGGGGGAAATCTCTGCTGGAGGGCTGAACTTCATCATCTCACAGC  
TGCAAAGAGAGGAGAAGGGTGGGGATGGGGGGACTGTTGCGTTGGTTGGT  
TGGCTGTTTCAATTTATTCTCAATAGGAGAAGCTATGGGGTGAGGATATTT  
GCACAGGGACGAAATCCCTTTCCCCCTGGGATCCCTCTGCCTTGCAGCC  
CTCCCCCAGGGTGCCATCCAAAATCAGGGTGACAATAGGAAGGAGCCAT  
GTTACCTATTCAAGAGCCTCCTGATGTCCTAAAGGTGGGAGGAGAGAGGA  
GAGATGGATCAGAAGAGGAGCACCAAGGGCTGCCCCCTTCGTATGGCAATG  
CACAGCAAAGACCACCTGCCCACGGTGTGATCCCCCAGCAGCAACAC  
AGGGAGCTCCCATGGGGTTGAGTTTGGGTTCTCAGGGTTTGCTCTGTCCC  
CCATTTCCACACCCCTTTGGGTTCTCACCAGCAGGAATTTGCTGTGCG  
GGCTGCTGGAATTTGCCCTCCATCTCCAGATCAGGGTGTCAAGGTGGGA  
CATCTCCTCCATCACCTTCGTACCGCATCCTCCTGTACTTTGGTGACGG  
CTCTGTCCAGGTCTGCCAGCTGGACCAGCAGGAAGCGCTCCTTCTCCTTC  
AGAAATCGCTGCAACTGCTCGAATTCACACACTATCCTCTCCCTTCCTT  
CTTGGTTTTCTCCTGTTGGGATGAGGGAGAAAGCCAATGGGGTGGAATAG  
AGGCAGGAAGACCCCCCTGGGGTCTCAGGATGCCGTGTTCTGGGGGATA  
TCCAACCAAAACCAATGGGGATGTAACACCAATGCCAATGGGAGCACAAC

FIGURE 10  
SUIITE 32

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

COSMIDE.txt

70/110

ACTAATGCCAATGGGAATTTATCACCAGTGCCAATGGGAACGTAACAACA  
GCGCCAATGGGAACGTAACACCAGTGCCAGTGGGAATTTATCACCAGTGC  
CAATGGGAACCTTAACATCAAAAAGCCAAAGATCATCTTGCTGGGCATTTG  
GGAGCAGCAGGAATTTTTCAGGAGTTTATCCCAAAGCAAAACCAAAGG  
AGGGGGTAGGAGATGAGCTCTGTATGAGGGATATTTACAGAGTTTAGGAG  
GATCTGCTACGTTATCTCTTAAACACAGGGGTTCCCTGCGTAACCCAGCT  
GATAAACACAGCCTTAGCGCTTTCCAGCCAGCTGCGAGCCAAAATGC  
ATGATCTGCCCCAAAATACACCAAAACAAACAGGACAGGGCGGAGGGGA  
AGGCAGACACCTCCCCTGCTGCACCCACCAAATACAAGCCCGTCCTTCCA  
CCAGTCCTTCTGCTTTCCAGGTACTTTTCCCTCTCCTCCTTTGAAGCCTG  
GAGGCGAGCCTGAATTTCTTCCCTGTGCCAAAAGAAGAAAGGCGGAAAGCC  
TGTTTTCCCACTTAAACTGCTTCTGTGTCAGATGGGAGAGGCTTTGCTAAAG  
CCTGGAATCCTCTGCAAGGTGCAGAGCTGGGCAGAGGGAAGCTCTGTGAG  
CACGGTGTGCTGCTCTGGAGCTCTGTGCAAGCTGGGAGTATTTGTCAGAG  
AGAAAAGAGGGGAGAAGGGAAGGAAAAACACGAACTTGCTGCAAACGTAG  
AGAAAACGCTGCAAAGAGCAACAAAAAATCAGCACTGACAGCTGCGC  
AAGGAGGTGTGGAAGGGCAAGATAAGCACTTGGTGAGATTTCCCTCATAA  
ACACCCCAAAACGGCGGCCCTGGGGTGTGTTTCTGTATTTAAGAGCCCTC  
AGTGGAATGGTTTTTGCAGGGCTGTGGTCTGAAGAGCAAAGCATCAAAGGA  
AGGAGAGGGCAGTAATGTTGCAAAGGGCTGACGGCGGTGGTTGCAAAGAG  
GGAGGATGGGGGGGATGCGCCAAGCAAAAGGGTTGCGTGGGTTACCCGC  
AGGGATGCACTGCGCCCTTGCTCCGGGTTTTGGGACCGTACCTTGTA  
CCTGGGCCGCTGGTGGGCAGGGAGCACAGCGTGGGAGCGGTGCGCCTGG  
GACGCGTCGCACTGCGCGCAGATAGGCTCTTGGTCTCTGTGCAGAAGAG  
CTTCAGAGCCTCGCGGTGCTGCTTGCAACCCAGGGAATGCAAACCTCA  
GCTGCCGGGCGATGCTGGCGATATTTGCCAGCTCTCTGCTGGGGCGGAAA  
TTTTTGTGCAACGCCGTTTTTCTGCACTGCGGACAGGGGAAATTTCCCTC  
CAGCCCTTCCAGCAGCGGGCGATGCACTCCCGGCAGAAGTTGTGGCCGC  
AGGGATGGAGACGGGATCCTGGAAGTAACCCAGGCAGATGGAGCAGGAG  
GCTTCGCTCTGCAAGGCTGTCCAAGGGGCTCTGCGTGGCCATGGGCTTCCT  
GCTGGGCTCCGATCCGCAGAGGGAATAGGGACCTTTCTCCTTATCTCC  
TCGCTGATAGGAGAAATCCGGCCCCGGAGGCTGAGCCTGAGCCAAACAGG  
GCTGGGAGAGCTCAGCCCATAGGGGATGCTGGTGGGAATGGGGGCAGCTC  
GCGGCTCCCCAGCACGGAGTCACCAAACCTGGGGGGATCTGGGGGAAATTC  
GGAGGAAAAGTCAGATTTTGTCTCTCCTCGAGCAGCAAAGAGGGCAGGG  
GAGGCGATTTTCCCTTCTGTGCGATCACTGTAAGGAATTTCCAAAGAAA  
ACGCATGGAGGTCTGCTTGTGGGATGGAATATAGACGTATATTGGAATA  
AATACAGGAAGACGTTGGAACATGGGAAGGCACTGAGATATAAGCGTGCT  
GTGTTGGATATGACTCTGCTCGACTAAAGTGAAGGTGGTTTTAATAGCAC  
TGCTCAGAGCCAGGCGGGTTTTGGTGTGTTTGGGGGAATTACGTGGGT  
TTGGAATTGGGAAATATGAGACGGAAAAATAAGAATAATGGAAGCGCCCA  
ACGTGGGGCTCGAACCACGACCCTGAGATTAAGAGTCTCATGCTCTACC  
GACTGAGCTAGCCGGGCTGATGGGCACGCACCCTTCTAAGCAATACTTCA  
TGGTGATCCTGCGGAGGGGTGCTAATAATTCTACCTAATTATTTGTTAA  
TTATCCCGGTAATTATGGGTTCTGAGCAATCGCGAATCCACGGGGAAGAG  
CTGCATGGGGAAAAAGCACCTATCCCTACGGGAATAGCCGGGAACTGCC  
GGCAGTGGTGCAGGGCGGGGAAAGAGGGGAAAGCAGGAAAAAAATGGG  
CAAAATGGAACGTTTAAAGTGGAGAAATTAACAGTGAAAAAAATGCAGG  
AAGCGTAAAGTAAAGGCTGTGTTTCTGCCCGGTTTGAACCGGGGACCT  
TTCGCGTGTGAGGCGAACGTGATAACCACTACACTACAGAAACGCGCTGA  
AGGCCGCTTCGCCGCACGGAGATGTGAAGGGGCGAATGCCGGGGCTCGGT  
GCGGAGTTTGCAGATAGGGGCCGCTCCGGGCCGCTCCCGCGCCGGTTCCG  
GTGAGCACAGAGTGCAGCGGTGACAAAATGAAGGGAAAAATGTAAACT  
GATGCTCCCGAATCGAGGCTCGAACCAGCCATTGTCCGACTGACAGCCGCG  
CGCTCTACCGA

FIGURE 10

SUITE 33

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

COSMIDE.txt 71/110

CCGTAGAGCGCCACCCCGTTGCCTAGTGACAGGAGCGCCGCTTCCGGTC  
AAGTGATGAGCGGAGGGGGCGTGGCTTGTGTCAGATAGGACGGAAGTTCC  
GGTCAGGTGGTACTGGAAAGGGGGCGTGGCTTGCGGCAAAGGGGACGGAA  
AGCGGAAGTGCTGCCGTTGGTTGGCGGAGTTCGCACCATAGAAGAACGAC  
GGCGGCGGTGGGAGGGCGGGAGGTAGAGCGGTCCCCGGGGAGAGTGCTGA  
GGGGAGCGGCGAGGCCCGAGGAGGGAGCGGAGCTTACGGGGAGTGCGGAG  
CCTCGAGGCGGGTCCCAGCGCTTCGCTGTGGGGCAGGAGAAAGGCTTCGG  
GGCAGGAGGAAGAGGGCCTCGGGGCCTCCCCATGGAGGCGGTGGGCGACG  
ATGGGGCGTCGTGGGGCGGGCTGAACCCGGTGGAGACGCTGCAGGAGGAG  
GCGATCTGCGCCATCTGCCTGGACTACTTCGTGGAGCCGGTGTGCGATCGG  
CTGCGGGCACAACTTCTGCCGGGTGTGCATCGCGCAGCTGTGGGGTGGAG  
GAGAGGTGAGGTGGAGGAGAGCGGGCGGGGCCGCGGCTTGAGGAGGAA  
GAGGAAGAGCTGGAGGAAGAGGAGGAAGATGAGCTGGGGGAGGAAGACT  
GGACGTGGAGCAGGAGGAGGAGGAGGAGGATGGAGGCGGGGAGGAGGAGG  
AGGAGGACGACATGTGGAGCGAGGAGGAAGAGGATGGAGAGCTGTGGGAA  
GGTACTGGGGGTGGGTTTGGGCCTGCCCTGTTGAGTGTCTTTATGGATGA  
GTGAGGGAATTGGGTGCACCCTCAGTCAGTTTGCAGATGATGCTAAGCTG  
GGGGGGTGTACTGATCTGCCTGAGGGTAGGACGGCCCTACGGTGGGGTCT  
GGACTGGGCCCCGATGGGCTGAGGGCAATGGGGTGGAGTTCAGAAGGACCG  
AGTGCCTGGTTCTGCACTGAGGTCACAACAACCCCATGCAGCTCTACCTG  
GGGTAGAGCGGCTGAAAGCTGTGTGAGGGAAAAGGATTTGGGGGTGAATA  
TGAGCCAGCAAGAGGCCAAGAAGGCCCATGGCATCCTGGCTTGATCAGA  
AATAGAGCAGCTAGTGGGAGCAGGAAGTGACTGTCACTCTGTACTGGCAC  
ACCTCAATGCTGCACCCAGTTCTGGGTCCCCTCTCACTACAAGAAAGACA  
TTGAGGCCCCAGTGAGGATGGTGGGGGTGGACTCAATGATCCCTGAGGTT  
TTTTCCAACCTTGATGATTCTGTGATTCTCAGACCCCGTGGAGAGGAGC  
TGTGGGATGGAGTGGTGCAGGGAGAACTCTACTTTGGGGACGATGATTAT  
GATGAGGATGTGATGGAGGAGGATGTGGAGGAAGAGGAGGAGGAGGAGGA  
TGAAGCGCAGAGCCCTCCGCCCCCTGTCCTGCCTGCCCGCCCTCGCCGCC  
TGCAGACCTTACCTGCCCCCAGTGCCGCAAAACCTTTTTCCAGAGGAAT  
TTCAGACCCAACCTCCAGTTGGCAAACATGGTGCAGATCATCCGGCAGCT  
CCACCCGCACCCGCAGCGCCTCGCGCCGCCCGCCGCCCTCAGCCTCAG  
GGGGTCTGGGGGAACCCAGGGATCCTGGTGGCAACAGGAGGTGGGGG  
TGTCGAATCTGTGCGAAGCACCAGGAACCCCTGAAGCTGTTCTGTGA  
GGTGGATGAGCAGGCGATCTGCGTGGTGTGCAGGGAGTCACGGAGCCACA  
AGCATCACAGTGTGTGCCCTGGAGGAAGTCGTGCAGGATTATAAGGTG  
GAGTTTGGGGAAGGGTCACGGTGGGATAGTGGGTGAGGTGGGGTTTGGGG  
AAGGGCTGTGGTGGAGAAGGCGGGGTTTGGAGGAAGAGTTATGGGAGAGT  
GGAGGCTTGAAGGGAAGTGAGGTTGGGATCAAGCTAGGTTTCGTCTTGCT  
GAGCTGGTTGGGTGGAGGCGTGGGAGGCTGGGAAACCACACACTGCAAT  
GAGGAGGTGGAAGGGTCTGGGTACCCATTTTCTGCTTAAAAACACCTTCC  
CAGCACAGTTCCTCAGAGAAAGCAAAAGGGAAGTGGCGTGAAAGTTGGCT  
CTGAGGTTCCGTTTTAGCTCTGCCACCAATTAGGGACAAAAAGAGGCG  
ATGACAGAGGGGATTGCCCCAGGCAGGGTTTGCTGAGTTGTGTTTCTTCTC  
CCTCAGTACAACTCCAGAGCCATTTGGAGCCACTGAAGAAGAAGCTGGA  
CGCGGTGCTGAAGCAGAAGTCGAATGAGCAGGAGAAGATCACAGAGCTGA  
GGGTAAGAGCTGAAGGTTTCTGTGCTTCATAGAATCATACAGGAGAACCA  
TCAGGGTTGGAAGAGACCACAAAGATCATCAGTTCCAACCATACCCGCTG  
CTGGGAGTGTGCTTGGTGGCTGAGCAAGGAGAGAGAAGCTTTGCTGCTG  
CTCTGAGCTCTCAGGAGGCATCATATTCCCTTTCCTGCAATTATTGGGC  
TGTGAGGGCTTGGAAACGGTTTCCAGTTGAATTAGAGCTTAATGAGAGC  
TTTGTGTGCTCAGTGTGAGTGGGAATTGGTGGTTTGGGAGCTGGTATT  
CCTCATTTGAGTTGAGGATGCTCTACATCTCTAAACCTGTGCAGACTTTG  
CTCAGTTCTGTCTGTGGTGCATTCAGGAGATGCGTAAGCTTATGGTGTGT  
GGTGAACTGAGAGAAGCATAGCACAGCAGCCCAAAAATGAGCTGATCTC

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUIITE 34



TCACCTCCCCCTTCTGCAGCAATTCCCCTAATGCTTTTCCCTCCCTCTGCA  
GGAAAAGATGAAGCTGGAAATCAAGGAATTTGAGTCTGATTTTGAGCTGC  
TCCACCAAGTTCCCTCATTGGGGAGCACGTGCTGCTGCTGCACCAGCTGGAG  
GAGCGCTACGAGAGCCTGCTGGCCCGCAGAGCAGCAACATCAGCCAGCT  
GGAGGAGCAGAGTGCAGCCCTTAGCCGCCTTATCACGGAGGCAGAAGATA  
AGAGCAAGCAGGACGGGCTACAGCTGCTCAAGGTCTTCTTCCATCCCTTT  
CCTTGTCTTTATGGCAAAGCGATAGCACGATGGTGGGAATAATGCTCCAG  
AAAGCTTCTGTGTCATGAGAGAGTGCCTTTAGTTGGTGGGCTGGGTGCTT  
CTCCACCCCTCCTTGTGGTGGTTTTTGGGGAAAATGCCGGGGGGGGGGG  
GGGGGGGGGATATGCCCTGAGAGATTTAGGGTCTGTTTTGGTAAGGAAAG  
CCTCCAGCAATGTGTGGGCTGTGTCTTTGTTCTCTGTGGGGAAGGGAATC  
ATCCAGGCTCAGTGTGAGTTGTGGCTGATAAGAGGATTTATTGGGAGCA  
ACGGTGGGATTGGTATCAGTCATCCCTAATCCTTTCTTCTCTTCCCAC  
CTTGCTGCCTCCTTCCCACAGGACATCAAGGGCACTTTTATCAGGTCACT  
GACTTTGTTTGCATCTTTTCACTTTGAATAACTTTTCTTTTTTTAATGT  
CAAAAAGCATTGAGCTTTTGTTTTAAATCCTGTGTGATGGGTACAGTT  
GGGGCCTGGTAATGCAGGGGAAAGCTGTGTCTAAGTTTGGGTGATGGA  
AACTTCTGGCTGATGGGGTGCAAATGGGATCTGGGGAACAACTGGGAAA  
AGACTTGGGAAGTTGGGAAACAACTCTGGGGCCATTTGGGAAAGGGGAAG  
GGTGGGGAGGAGATCTCGGCCCTGATTTCTGGAAGCGTGGGTGTGCCCAT  
GCAGACCTCATGCTATAGCGAACTCCTCACTCTGGAGAAACGATTCTCC  
CCATCCTGTGACACAAATGGGCAGCGCTGGGAGTTCTCAGCCATGCTGGA  
CGCAGCTGGCTCTACCCAGCTCTGTCTGCTGGCTGAGGGAGGGTGGGGG  
AGGCTGGCTGCACCAGTGCAACCAGTTTGGCCGATCCATGCGTTGCTCTG  
GTTTTTCCAGAGCTGCATGCAGGCCGCTCACTTCTTTTCTGCTGCTGAA  
ATTCTCTGCTTCTCCTTTCCCCCACCACAAAAGATGTGAGAACATC  
AAATTCCAGGAGCCCGAGATGGTGTGCTGGTGGACGTGGGGAAGAAATACCG  
CAACTATTTCTGCAAGGATGTGGTGTGAGAAAGATGGAGAAAGCCTTCA  
GCAAAGTTCCACAGGGTGAGAGAGTCTCTTCTTCTACGTGGGATGGGG  
TTCCCTCCACTTGGGATGGGATTTCTCCAGCTCTCTTGGGGTTCTCCTTC  
CATCTCTGTGCTCCCATGGTTTGCAGCCTGATGATCCTTTAGGAAAAGCA  
GCATCCCTCTGTTCTCTCTGTGCTTTCCCTTTTGCCTTGTCTGGGTTT  
TCCCCTATTGTAGCTCCTCCATAGAAGTGGGGTTGATGTGGATCTGGATT  
CATTATAAAGGAGGGATGACTGCCTCAAACCTCAGCATGGTGCAGATACGC  
AACCAGATGAGGATTTAGGACTGGGGTGCAAGGGGGAAAAAAGTGCCAGG  
TGACCCCTTAACGACCCCGCTCTCTGCCCTTCTTCCAGCTGACATCAC  
GCTGGACCCGACACCGCTCACCTCGCCTCAGCCTCTCCCTGGACCGCC  
GCAGCGTTAAGCTGGGAGAACGACGCCAGGAGCTCCCCAACACCCCAA  
CGCTTCGACTCCGATTACTGCGTCTTGGGCTCCCAGGGTTTCAACACAGG  
CCGTCACTACTGGGAGGTAGAAGTCGGGGGCAAGAAAGGTTGGGCGGTGG  
GGGCTGCACGCGAGACGGCTCGACGCAAAGAAAAAACCATGGGGCCTCAT  
CAAAAAGGGGAGATCTGGTGTGTTGGCACCAATGGGAAGAAGTACCAAGC  
GCTGACGGCCATGGAGCAGATGGCTTTGTCAACAGCGAGCGGCCCCGGC  
GCTTCGGTGTCTACCTGGACTATGAACGGGGTCACTTTGCTTCTACAAC  
GCTGAGAGCATGACCCACATCCACACCTTCAACGCTTCTTCCACGAGCG  
CATCTTCCCCCTTTTTCCGAATCCTGGCTAAGGGCACTCGTATCAAAATCT  
GCACCTGATGGCCCTCCAGCTTCTGATTTTTTTTTTCCCTTTTTCCCCC  
TGCACCTGCTTGTGCTCACAAGGCCTCTTCCCTCCTCTCTCCTGTCCAGC  
CTCTGTCCACGTCCCAACTCTTCTCCGGGGTCCGATCCAGGCTGGTTT  
GGTTTGGAGAAGGGATCCAATCTCCTTGTGAGGTTTTCCCTTCAGCTC  
TTGGTGTCTATGGGCTCCCTCTGCCTTTCCAGTCTCGCAGCAGCTTTC  
CAGTGTGCTCTTCCCCGTTTTGTTTAAAGCCTGTGGTTCGAGCTTTCGCTT  
GTTTGGCCTCTTGGATGCAGAGCTCGAGCTGAGGATGCTGGGGTCTGTA  
CATTGTGACACGAGCACTGCTTGTGCCCTCTTGGCCATTGCTTCTGAAA

FIGURE 10

SUITE 35

COSMIDE.txt 73/110

GTCACTCAGATGCACCAAGGAGCCTCATTTCTTTTTATTTTTCAGTTCTG  
GGGCACAACCCTCTGCCCACCTCCCACCCAGCCACCATCTGGACCTCAAA  
CCTTCCACGTTCTCCTATTCTGCCACTTGTCACCTTCCCCTTTTGCTCT  
TCTTCCCCCTCTGGGGGTCTCCAGCTCTCCCTCTGCCCCATCATTCCCTC  
GCCAACCATTCTTGTGGGCCTGGCACTTTATTTAGGGCCACGTAGGCCG  
GGGAGGGTGCAAAAATTGGGCAACTTCCACCTCTGAGGCTGCTCAGAGT  
GCAGCATCGCACCAGGCCGCACCGGTGGGAAGCAGCCTTGTTTCCCCTTG  
CAGCTTAAGAGCTCTCTGAGGTGGGGGTATTTATTTTCTCTTCCCTTTTC  
TCAGCTGCTGTTGAATTTCCAGCTGAATCCTGTCCCACCAGAGAGACTCT  
GATTGCACCCTGTTGTGTTTTACTTCTTTTGTGGTGGATTGGTATTTT  
TTTTTTCTGTTGGCGTTACAGAGCTAGTTCAAAATATTTTGGGCTAAAT  
AAGAATTAAATGGAGATCTAGTTTTTTGAAATGTCAAGAAATAATAATA  
TAATAATAAAGAATAAAGAATAAAGTTTTAAAGCTGAGCCTCTCCCTTAT  
TGAGAGCCCCCAGGGGACAGGAGTTGTGGTGCAGGCCCCCAGTCTGCTG  
TTAACTCCTGCTGGTAAGATGTGACTTAAGCCTTGCATCGTTAATCTTAA  
CTTAATTAGCAGTAATTTGGATTGGGCTGCTTCCCTTCAGCAGCTTGTA  
AGGGATAGAGGCTGCTGGGTGAAGTGAAGTCTGTGTTACCACCTCTCCTG  
CTCTCCCCACATGTTTTTGGTGGTGGTGGTGGTCTTTTTTGGCCACGGC  
TCTATCTCCCCAGGTGTGCACTCACTGTGGGCTGCTACTGCTCCTGAAAG  
GGCTCAGGGAGACATTTGAGTCCCTTCGTCCACACGTGGGAGGAGAGCAC  
TGATGTCCTCCATCCTTAAAGTTGTGGGCACAGCCTTGGTGGCAAATCCAG  
AATGGGATATAATGCAGCCATGAGCTCAACAGAGCGCTCTTTTATTGAGT  
TTTGTGCATAAAATCTGTGTGTGTGTACCACATCCTCATCTGGTTCCAAT  
GGTGAAGTGTCCACACCCGACGAGGTATCTGTGTAGCCAGCAAACAGCG  
TCTGGGGAGAGAAATGGAGGAAGTGGATCATGAAAAGATAGGAATCAGCC  
CTCGGTGTGAACGTAAAAATCTCAGAAGGCAGCTCCCAAAGCGGAGGTGC  
TGGAGGAAGGTGGGAGTTTTTAAGGCTGCAGGAGGAGCAGTGAAAAGGGAA  
AGGAGAAGGGGATATTTCTACCTGCCCATCTGCAGACCACGCCAGAGAGG  
TACACTGGGGAGGCTCAGCTTTGCTGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
AGCTCATCCACAATGATTTTGCCTTCCAGGTCTGTGCAGGACAGAAGAG  
AGCGTGAGGGACTAAGGTCTGCAGGGGAGACTGCTGTAGCCAAACCCAAC  
CATTCACACTCAGAACAGGCTCAGGGTGCTCAGAAACAGCCTCTGGGTTT  
CCGCACAGGGATGCAGTCAGATGGCATCGAAGTTTCATCACAGCAGAGTG  
GTGGCTGTGCCCCACACCACCTCCCAGTCCAGGGGATGACAGTGCCACC  
AGCATGACCCATCCCACGTAACCAAAAGGGCTCTGCACCAAGGCATCTGT  
GGGGCAGGGCGAGGATTTGACACAACTCTGCCTCCAAACCCACAGGAT  
AAGGGAAGTGATTCTTTAGGAGGTAAATAGGGATGTACATACCCAGATC  
TTGATGCTGGGGCCGGTGGCAGCGCAGAGCCAGTAGCGGTTGGGGCTGAA  
GCACAGCGCATTGATGATGTCCCTCCATCCAGCGTGTACAGGTGCTTGC  
CTTCATTACAGGTCCCACAGCATGGCCTGGCCGTCTTGGGGGGCAGCAAAG  
AGGAATCACAGCAAACCATCAAACCTGTGGCTTTGTTCCAGTTGTCCATC  
TAAACCTTCCAGCTTGGAAACAGCACTTGATTTGTGACTGAGATGTGGG  
TGAGTTGCCACAGGACAGCAAGAGGCACATAACTGAGCTGTGAGAACAAC  
AGAATAAGCTGCAATTTGGCCTCAGCTTTCCCCCAGGGTGTACCTTGCCT  
CCAGAAGCACAGAGGGAGCCATCAGGGGAGACAGTCACTGTGTTTACAGATA  
TCCCGTGTGGCCGATGTGGTTTGTCTTCACTTGTGAGTTAGCCAAGTTCC  
AAACCTAAATGAGGGTAAACGTGACAGGCTCAGAAATATGGAGGAGAAAA  
AAAACAACCTCTCATGATCACTGCTCAAAATATTTCCCAAGACGCCGCAC  
AAACCCCAAGGAGCTGCTCCTCTCACCTTCACCAGCTTGTCCCAGCCAC  
AGGAGACAATGATGGGGTGTGCTGCTGTTGGGGGAGAAGCGCACACAGGAA  
ACCACTCAGAGTGGCTCTCGTCTGAGGAGAGGAACAGCATTGGGTTGA  
AAGCAATGAAAAGCATCCCCAGTCCGAGCTGCTGCATCCCACTGCTCCCT  
GAGCCCTCATTAATTGCAGGAGTGTCTCAGACCCCCCCCCAGAAAGAAA  
GGTCAGCAGGCACTGTGTCACTTCTAATCATTAGGACGGAGCTGGGAGAT  
GTGGATTACGGATCAAGGACAGGACAGGACAGGACAGGACAGGACAGGACAGG

FIGURE 10

SUITE 36

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

COSMIDE.txt 74/110

ACTCAGAAACAAGCAGAAAGAGGTTTATTTTCACAGTGTGGAAACTCAGA  
TCCGTTGCCTCACCTGCACCGTGTATTTGCAGACACCCAAAGTGTTCAG  
AGTTTGATGGTTTTGTCCCTGGAGCCCGAAACGATCTGGCGGTGTGCGGA  
GGAGAAGGCGACGCTCAGCACATCCTTGGTGTGGCCAACAAAGCGGCGGG  
TGGTGGTTCCTCTGCAGGGACACCAGGAGGGTCGCACGGGAGGGACAAAG  
CTCAGCAAACCCCATTAATAATTAACCCCTCCCCTAAATTGAGGAGAT  
CGTGCTGCAGTGCATAAATTCTTAATGAACACAACCTGATGGAAGCAGGAA  
GGAAGCTAAAACGGAGTCATCTCCACATGGGTGAGGAGTGGTGGTTCCT  
TCCCTCCTTCCGAACAGGAACAAAAGGGTGCCAAAGCTTTTGATATAGGG  
TTGGAATAATCATGAGGAGTTTAGGATATAAACTCAGCTTCGTGGACA  
CACAGCAGCGTAAGTGCTGAACGCTTTTGGAGGATTGGGGTAGTTCTGCT  
TCCTGAGGAGTTTCTTCTCTATAGTACTCCCAAAAATCACAGTGCAAGA  
AGAGCCGGTGCTGCTCCAACCTCACCCCAAACCTCTGTACCCCAAATCAC  
ACCGAAGGAAAAGCCTGCTTGCTCCAGTCTGTACCCACAGCGATGGTGA  
AGGAAGAACCAAATCCCCCCTGCTGCTCCACCTGCTTCTCTCCATCAT  
AATTGCAGGAGCTGTCTCAGATCCCGGAGGATCAGCAGACTGTGTCAGG  
TGTAACTACTGGGAGAGTGAGCTGAGGGAGGAACCGCTTTGGTCTCCCT  
CCAAGCATGATTTACCACCCAACCTGAGAGGAACTCACCTCATTTCACG  
CTGTACCGCACACCTCTCACCCACCCCAACACCCAAACAAAACACAGAGC  
CCAGCTCTGCCCCAAACCCCAACCCCAAGCCCTTTCAGTCCCAGGACT  
CACGTGGTGAGGTCCACAGCCTCAAGGTGCCATCCCAGGAGCCCGACAG  
CGCAAACCTGCCATCGGAGGAGATGACCACATCGCTGACAAAGTGCGAGT  
GGCCGCGCAGGGCGCGCTGCGGGATCCCGTAGTTGGTCTCATCTCGGGTC  
AGCTTCCACATGATGATGGTTTTGTCTGGGAAGGGGAAAGGCAGCGGCC  
TCAGCTCCAACCCTTCTCACATTCCCGTCTCACTGGGCTTTATCTCCCT  
CATAGCAATGGGGGGTTACACAGAAGCACCGCACCCCTTCTCTCAGCC  
CCCCAACCGCCTCCCTACGTCTCTACATACAGCAGCCTCCCCACCCTGCA  
GCTCTCTGTCCCCGAGCCCTGCACCCATTTCATCACCTCCCCTCCCCCAT  
GGTCCCCCCCAGCCCCCTCCTCTACCACTGACGGTCTCCCCTTATCTCCC  
ACAGTCCCCTCCATAGGCCCCACAGTTCCTGCCCCCCCCACCCACAG  
TTCCGCCCCCCCCGCTCGGACGAGGCCCGAACCCTCAGGCGGGCCCT  
CACCCCGCGACGCGGAGAGAATCATGTCCGGAACTGCGGGGTGGTGGCG  
ATCTGCGTCACCCACCCATTGTGGCCCTTCAGGGTACCGCGGAGGGTCAT  
CTGCTCCGTATGGCGGCGGCGGGGCGGAGGGATGGCGGCGGATTCAATA  
AAGGGCCCCGCGCGGTCCGGTCTACCGCCCGCATGGCCGCCAGCGCGG  
AAAGAGAAAGAGGGAGGTGACTTCCGGCGGAAGCGGAAGTAGCCGCTGGG  
TTGTACGGCAAGAGGGGCAACATGGCGGCGCGCATAGAGAGCACGCTGAA  
TGGGGGAATGGGCTTTGGAGGTGGGGAGGGAAGGTTGTTCTCTGCCGCTG  
CAGGGACACGAGGTGCGGGCAGAGCACCTTCTTTAACATTTGCTATTATT  
TAACGTTTTACATTTAGCATTTTTATTATCCCTGTTGTGCCAGGACGGAG  
AAGAGCAGGGTGTGCAGCCTGTGCTTATCACCTGCAGCTGTCCCTGCACC  
CCACAGCCAACCAAGTTTGTGACGCCTGAGCAGGATCTGACCCAGGAAG  
GCAAACAGAAGGTCTGAGTCCTCCTCCCTTTCCCTTTCCCATCCCTCCCAC  
GCTGCAGTTTGGGGGCTGTGACCCGTCCGCGTTGCTCAGTGCTCATTCCG  
ATGAGCAGTGGCTGATGGTGTATGTTACAAAGTTTTTGGCATCCCTGTGGG  
TTCCACCCCGCTTTTGTCTCACCAGCCTTTTCTATCCGTCCTTATCAGC  
AGATCATCTTGTATTAGATCTGTCTTTTCCAGTCACGGCTTTGCATT  
TTCACCTTGGTTTTACCACCTAACATCAAGCCTTTTGTCCCCATCTGATG  
ATATTCATGCAGATAAATCCGTAAAGCAGGGAAGAATTAAATTCTGGCCC  
CTTCTACACCCATTTAGGTTTAGATCTTTGCAGCATTAGCCAAGACGTG  
CTTCCAGAGCCAGGAATAACGTGTCTTGATGTGCCAACACACCTTGAAAT  
CCAGAAAATTGCCCAAATAGGCATGACTCAGCAAGCACCGTAGTGGGC  
ATGATTTGCTTGGGTGACCCCGTGGGTAAGGAGCCATTTGTTGGACACCA  
CGATGTCGTTTTTACAGCCCTGTGAGCGCAGCGTCTTAAATTGCCCTCC  
AGACATTCCAAATTTGGAGCCTGAATGCGAAAGGTGAATCGGCGTCA

FIGURE 10

SUITE 37

75/110

COSMIDE.txt

GCCCTCCGGGATGAAGGAATCTCTGCCGGGGTTTTCCGTTGGATCACAGC  
AGGAGGATTTGCTTTCTTAAAGCATTAGAGTGACGTGGAGAGCCCAAATC  
GGACCCAGTGGCCACATTCTCCCAAGGGAAAACCCTTCGGGTGCCCTAC  
GGTTCCTTTTCTAGCATGATAACAACTTCTTTTCCATCCGCCCATCCCC  
TTTTGGGTTTTGGAGTTGACAAATCCCCACTGAAATTCCTATGTTGCACA  
CATGTCCTTCATTCTTTAAGTAGGAGTTAGCAAAGGTTCCGCATTGACTT  
AATTGAGAGCGAGATCAACAATTTTAGGCATTCTTTATGAACTTCACATT  
GTTTTATGCTGATCAGCAGCAAAAAACATACAGGAATAGGAGTGTGTCT  
GTAGGAGTGCTCTGCATTTTCTTGCTCGTTTGGCTGATTAAGGAAGCTGG  
GAGGAAATGTTGTGAAATAATCCCAAGTGATGAGAGACTGTGGGTATGGG  
AGGAGATGCCCTCTGTCTGGTGAGCAGTAGGGACAGAAGACCTGAGCTC  
ATTTTCATATATCTGTATATTAAGGCAATGCTAACCAGTGCTGTCTGTGTA  
TTTGGGGCCAGGAGTGGCTTCTGCCCGTTGGTGCCCATAAACCAGTGCT  
GCCCCATTGAGGATTGGGGTCTGCTCGCAGACCACATCCACCAACCAACC  
CATGGCTGATAGCAGAGAGGCGACAGGTCAACCCTCCATATATCTCTGC  
AGAAACCTGTTCTGTCTATACAGGGATCCCCATCCCTCCCCCAGCCCTC  
CTTCCATCCTCGGCATTTGGGTTGGCTATAATTAGGCTCTGGGAACGTTT  
CCCTGCTGCCAGCACAGCTGTCTGTCTGCAATGATCCTTCCAGCTCTCT  
GCGGACACGCAAAACCCTCCAGCAATCCTAAATACCCATTTCTGCACTCC  
TGGGACAACTGGGAGCTGCCAAAAATCTCCAGCCCCCACAGACGTGAC  
CATCACAGCACCAAGGAGCAGAGCAAGCGCAACGTGATTACGGTGCAGGT  
CGGGGTAAAGCCTTTCTCTTTCTTCCACAGCCAGGATTTGGGGGATCCT  
ATTGGCTCTATGGGATCTGGGAGATGCAGGAGAAATGTGATCCCTTTGCT  
GTAGCAAAACAACCTTTTAGAGTCTTGCACCTGAATCTGGCAGTACTGGA  
AAGCAGGAGAGGGATTAAGAGTCCTTCTGCATTATCCTGCTCATAGGGAA  
ATACAGCACAGAAATCATTGGGGCTGCTTCTTTGCTTTCTTGGCACAAA  
TTTAGGTCTCTATTACAGCGTTTCTTTGACTGAGACCCCAATAGGATCTA  
CAGGGGTAGAACAAAGCAGACAAAAAGTGATTGATGTTTCTATGCGATT  
TGTTGCCTTTTCCCATTGAGATTTCTGCTTTTCTATGGGGCTTTTGTCT  
TTTTACAGCTTTTTTTTATTCACTGTAGTGAATAGAAATTTTTTAGGGCTT  
TTAGGTCAATTGATGCTGTTATGAACACAGAGATGAACTCATAACACCTTC  
CTGGTGTGGTTTGTCTATGGGATAGAAAGGAGCTCATGGTGTCTGTGGACA  
ACTAACAGAGGTGCCTGAGGGCTGGGCCCTCTTTGTGCCCTTCTGGGGG  
TCAGCAAACTCCTTTTATTAGATATAAATCCCTCATCCACAATTTAC  
CAGTCTTTCCCAATGCAGACCCCAAAAAACATCCCCAATGACAAAGTCCAC  
GAACTGAGAAAGCAGCAAAAAGCCTCCAGCCCCAAATATTTATCCCTT  
ATCCCATTTATTTCTATGGGCAAAGCTATTCTAGGCATCAGGAAGGTGGG  
AGATTCCAGGTGAGTTTGTCTTAATTGTGATCTTTAATGATGTTTCTC  
CCATCAGGTGGACATTTGGAAGTGGTTCTGACTGGGAAGAGGACGTGATG  
ATGGCATCAGGTAGAGCTCAGAAAGTGGTATTTATCAGCAAAGCAATTTT  
CCAGGTCTGTTTTTTCCCATTTTTCCCATATTTTTTTCTTATTCAGGGAA  
GAGGAACGCGGATCTTGGTGAGTGATTTTCTTCTTTTACCTTCAAAAAG  
TCCCTTTCCATGTGTAGAAATGGATATACGTACCCCCCACTGATACCCAT  
TTCCTTTGTTCTGTCTTATATTTATACTTCCCATATTTTGAACACATG  
AAAACAAAGCCACATTAAATAAATTATATAACAGTGCAATTTTTGGACT  
ATTATTTTCCATAGAAAAGTATTAAATCAGTGCAAGTGCCTCTGGAGG  
TGACTTCTGCAGCACCCAAAGAGAGAGGCGTAGGGCTGAGTGCTCTCTCT  
GTCTCTCTTTTGAAGAATGGGATGCAAAAATCAGTGAGTGCCCTTTTTT  
CCTCTCCCTTACGGTGAGGTATGGGTGTGGAGGACCTGAATTAATGTGA  
ATTCTCTGTTTTAAGGGAAGCTAACAGAAGATTTTGGTAAGTCGCTTAT  
TTTCTCGATCTGAGTGCATATTTCTACACCTTTACCATCAGTGATGACC  
AACGTGTGTATGCATTTCTCTTTATTCCATTTAGAAGAGAGCGACACAGA  
GCTCGGTGAGTGCTTTGGGGTCTTATCAAGGTGGAAAGATGCCCCCTCTGT  
GCAACAGTGGGGATTGGGAGAAGCCCTTCAGCTCTTCCATTTATCCACAT  
CTGATACCCAGATGGAGTCAGGATGCAGAACTGGAGGAGGAGGGCCAAAG  
FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 38



77/110

COSMIDE.txt

TTGCTCTAGGACGGTCTGAAAAGTGACCAAATCTGCTTTTACTCATTTT  
TCTTCTTATTTTTTTGTAGCAAAGTGCGATGCAACGATCAGTAAGTGCTG  
CTGCATGTGGGGGTACCTCCATCTTCGGGTCATTTTCTGCTGTTTCAGCA  
TTGAAAGGACATCAGAATTCCTTAAATCCAACAAAATTGGGGTCACTCGA  
AGGAATCTTTGCAGATATGGGGGAAATCAGAGCCAAATTTTGAGGGGGGG  
AGGGAAAATCTCAGGGGTGTTTCAGAAATCCAATGGGATCTGATGGTATT  
TTCTGCTCTCAGGACTGTTTACAGTGGAACCTCGGTGAGTCCGTTTCCTTT  
TTGTTTTTTTTTTCTAATTATTATTATTAGTAGTATTATAAATCAATAT  
TACTGTTGCTTATACATATTGTTGTACATTATATACATAATACATACATT  
ATACACAGTATAGTATACAGTAGTATATAATATTATGTATTATATATA  
TATAATGTATTATAAATGTATATCTAATATATGTCTGTATTAGATAT  
AATGCATATATATTATTGTACTACAGTCATATTATAATACATTTACTTAT  
ATCTGCCTTTTTCCACACGTTTCATTGACCTGATTAAAACTAAATCCTA  
AAGGCAGAAGAAGATGAAAACCCCCAAATTAACACCAAATAATTGCAGCT  
ATAGATCATATCTATCAAAGCAAATTTGCCTTCAGTCCACATCACGAAAT  
TAACAATAGAAAGGTTTTAAATTTGGAACGTACAAACAATGACAAATAACC  
CCCAATGGCTTTTCTCTTCTTGCCAGGAGAGCGTCACACCAAAATAGGTAC  
GTGAGGTGTTTGCTACCTTCGTTTGGGAAGGAAGAAATTGCATTAATAAAA  
CCTCTGTCCAATATGAAGCCGGGGTCAAATTAATCATAAATCACCCTGA  
TTGTCATGAATTAACAGGGAAAAAAGGCTAAACTTGAAAATAACATT  
TTTTCATCTCTCTTTTAAGGGGAACCTCACTGCAGAAGTTGGTAAGTCTCT  
TTCCCATCAGTTTAAGCAAAAATGGTTTCATCAGATATATAAATAATCCCTT  
ATTTCTGCTTGTTTTTAGGGGACTACAACAGGAACTTCGTAAGTGCCTT  
TAACTTCTCCCATTAAGAGTTAAACCTTTCAATATTTTGTGCTTCAAT  
GTGCTGAAGCCACCAAAAATGTGTTTTAATTGTAAAGGGGCTGAGCGTCA  
AACCTGAACACTGCCATGTTGGGGGCTGAGATTCGTGGGATTTGGGTTTT  
CAGTGTGAAAATGCCTCTGGGTTTCTGTGCCTGAGCTCAGGGAAACACGA  
CCAGGGCTTCCCAGTAGGAATGAGACCCCAAATATTTCTACCTGGGGCC  
TTTTCCCATTGGGAATTTATTCTGTAAATCCATATTTCTCCACGTTTGAG  
CGTCACTCATCAATGTCACAATCTTGGCAATGTTGAGAAGATATATAGA  
TATCTATTTTAATACTGATTAATATGGAGGTGTTTGTGTTGGTCAGTGAT  
GTCATCGGGAAAAGATCTGAGTCATTGAATCCCCATTTCTTTCTCTTTA  
TTTTAAGGGAAACACGCAGCAGAACTTGGAAGGGAATTCCTCCCTGGG  
TTTGTCTCTTGTGTTTTCTCTTTGGAGGGGGATTTTTCTATGTCTTCT  
TTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTT  
CTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCT  
TTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATG  
TCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTA  
TGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCT  
TATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTATGTCTTCTTCTTCTTCTTCT  
CTTCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT  
ATCACCTCAAAATGAGCCTGAATGTTTGCAGTGAAGGACTGAGCACAGCTG  
GGCACTAATTCATCTTTATTTCTCTCTTATTTACAGAGGAACGCGATCTG  
AAAATCAGTAAGTGCTGCCCCAAAGCCATAGGGCTATGCTGGGCTTCATC  
CCCACAACATGAATTTATAAATTAAATAAATAAATAAATAAATAATTTT  
ATATTTTATGTATTTGATATTAGCAGTATTTAAAAAAGAATAAATAA  
CTCAAGAATCTTAGGATCAATAGTAACACAATGATGCAACGTGGATACAA  
AAGCAGTAATTCCTATTTCTTGGGTTTTATCCTTCCAGGGGAACACGA  
AGCAGAGATACGTGAGTGTTATTTTATATACTCTATAATGGAAAATTTT  
TTCTCTGTAATATAAAAAATAGGCTTTATTATTTGAGGGGTTTTTGGCTT  
AACGCAATGCGAAGTGCTTGAATTTCTACGTATGAAATAGAGGATTTCC  
CATAGAGAAAAACAGCAATTTGGGGCTGGAATAAAAAGTTTCATTTCTTG  
CTGAAAAGTGAATGAAAAGGGGGGAAAAAGAACATAAAAATGAGTTTTT  
TCCCTCATTAATCTGTATGAAATGGGTGGGTTCCTGAATGGTGATGTC  
AACACCTCGTTTTGGGTTTCAAGCCAAACATAATATGTGTCTGTCCTTTATT

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLÉ 26)

FIGURE 10

SUIVE 40

78/110  
COSMIDE.txt

TCTGTATCACTGGTGTTAAAGAGAGCTGTTTTGAACTAATATCTCTTTTT  
TAATTACTTTTTCTTTTTCTTTTTCTTCCTTTTTCTCCCGTTTCTCTC  
TGTTTTGCTTTAAGGGCGCCTCACTGAGCTGCTCGGTAAGTGCATTTCTC  
TCCTTGCACTGTCAATCCAGCAACAAACCAAGCCTATTTTGGGGGGGA  
AGGAGGGGATAAAACACAATAATGATGAAATCAGTGCTTTGGAAAGGGTG  
CAATTATTATTTCTCCTGCAAATGAATACTTCCTTTTCCCTTTTGTTTGC  
AGAGGACCGCGATTCCGATGTCCGTAAGTCCTTTTGTTTGTCCCGGAGCT  
GTGAATCCTCCAATGGGAAATGCAGAATTTAGAGTCTGCCCCAAAATG  
ACCTTTTTGAGGCTACAAGGGATGGGAAAATAAGGAGAAATGTCCTTATT  
TATTGATCTCCTTGTTTATGTGCAAACTGGGTGACTCTTCTCTGCCGAA  
CACGTTAGAAATAAGAACACAAAATGGGAGGAAATGGTATTTATTATAT  
CTGTTGTTTTCTGTTTAATTTTTAGGAGAACAGGACATCCTCATTAGTA  
AGTGGCACTTTGGATTGATAAGAAATGCAGCTCCTGGGGACGTTTGGGTG  
CTGCGATTGCTGGCACTGCTGGGGCTTTGTGTTGTGGTGGAAGTGGAATT  
ACTTCAAAGAAGAGAAGAATTGAATTATCTGGAGAAAAAGGGGAATAAA  
TGGAAGTGTGTTGGGAAAAGAAGGAGGAATAGAATGGAAATATTGGGGAAA  
AAAGTGAAATAGAATGGAATTATTTCAAAAAAATGGAATGAAATTTAGG  
GAGGGGGAAGGGGAAGTGGAATGGAATTATTTGGGGGAGAAAAAGGGGAA  
AATTGAATGACTGGGGGGGGAATGGGGAAATAGGATGGGAGTATTTTAAA  
AATACAGAATTGTGAAGGTTTCAGCCCATCTCAGAGAGTTTGGTATCCTC  
GAGTTCCCCCTTTGCAACCCATTGAGCATCCTTGGGATGACACCAAATTC  
TGTTTTCTCCTTTTCAAGGGAACTGTGAGAAGAGCTCGGTGAGTTATTT  
CCACTTCTTACATACAAAATGATTCTGGATATTCTTTTTGTGTGTTTTC  
CTGCTTTCCTCTTTGTGTTTTAAGAGGCAACTGCAGAAGGAATGGCACA  
AAGGGTGCAGAGGATCTTTGGGATAAATAACAGGGAAAACAGGGATGGGA  
TAGCAATGAGTTGGTGCAATAATCTATGGCACAAGAGTGACGGCGTGTT  
TCACATTTTGCTTTTTCTCTTCTTTTAGAGGAATTAAGGGGTGCGGAAG  
TTGGTAAGTGAGATTCCTTTCCCTCTTCTCCCCAAAAGGATAAGGGGTAA  
TTTGGATTCTGATCTCTTTTTCTCCCTTTTTGTTCTTAGAGGAGAGTGTT  
CTGGAGAGGGGTGAGTATCATTCTCTTCTACTGCTGCTTTTGAAGTGAAG  
GAATCCCCCATAAGCATGCTGGTGGGATGGGAATTTACATCTGATACAC  
AATTATTATCATTCTTTCATTTTTTATACACAGAAATAGATAATTTTTTT  
CCTTTCTTTTCTTTTTCCCCCTTTTTTAGAGGAACATGATGCCAGAATT  
GGTACGTGTCCATCTCCCCCTGCTTTTGTGGTGTCTTCAAGAAGGCCAAT  
GGGGTCAATTGGGATTGTTTGGGTTGAGGATTGGGTCTTGATTGAATTT  
GGGGGAGGATTGAGGTGCCCAACACACATCAGGTCCCATCTCATGTTT  
TCCTATGGGCTTGGATCCTTCTGTTGGATACCTAAGAATACCTGAAATCC  
ATAATATGCCATTAGAAGTAACACATCCATCAATGATATATCCATAGAAT  
ACAAGAGAACGGTCTACATTTACTTCAGATCCCATTTTCAGGTTAACCAT  
GAAAAAATAACCAAGACTGAATGTCACCATTGAGGGATCCCGTGTGTA  
AAATCATGACTTCTGCTTTAATTATAAGAAAAATGAAATTCAGTGTTTTT  
ATTCTCTTTTAAAGATGAACTCTCAACAGAAAGTTGGTGAGTATTTTTCTGC  
CCTCCAGCAAAACCAAGCATGCAGTTTGCAGTCTGTTTTGGATATATAT  
TGTACGTGGATATATAACCTGTATGTTATAACACCTCTGGTTTCCTTTTC  
TCCTTCTTTTCTCAGAAAAACGAGAGAGAAGAATTGGTGAGTATCAAAC  
TTCCCCCAGAAGTGGACTTTGGTGTGTTGGGAAGATCCATACCACCAG  
TTGGTGCCAACTTAATGGAAATCCTTTGTTTTTCTTATGTTTTTCAGA  
TGAATCACTGCAGAGCTCGGTAAGTCGTGATTATAACTCATAACGAGTT  
ATAATGCTATTGTTATATATAATATACATATTATATATTGTTGCTATAAT  
TCATAATAGAGCAACAATCACAAGGCACAGAAATATGGGTTTGCTTTGA  
GAGCCAAACCTTAGGAAGTGATAACACAATGGGAAGAGGACAATGACCAT  
TTCTGTTGTTCTCTTTTTCAGAGCACTACAAGGCAAAAGCAAGTGAGTGT  
CTCCTTCCTCATCTTCAGCACGTGAGAGATTTTGGGGGCTTTTGGGACGG  
CTATGGGGATTACACATAATAAAACAGAAGATGAGAAGACAGTTTGTGA  
ACTTGAATTCAAACTGTTTTCAAAATGGTCAAAATGAGTATTAATAATC

FIGURE 10

SUIITE 41

79/110

COSMIDE.txt

TCCCCAGTACCCAATTATACAATGGGATTAATTACAGCCTGCCCAGGAAA  
GGAGCACTGAATTTTTTCTGCGTCCATCCAGCATGAAGTCCATCAGACT  
TAAGCTTACAGCTTAAAGAATGGTTCAATTTTTTTCATTTAACCCCTCGT  
AAGTTAAAGATGGACTTCAGCATCACAGAAGTAGCCCAGAAATAGTCAA  
AAAATGGGTCATGAATTTCCAGAGCACCCCCCACACTTTCCTTGGTGAA  
TAGGAAAACAAATATTAATACTAATTAATTGGTTTTTTTTCTTTTAGG  
AAGATGTTTTGAGGAACACAGTAAGTGCCCTTTTCTCCCTTCTTTAAGCA  
TCACTTTTCACTTTAAGTCTGCATCACAGTTAATAATCCATCTCCTTATT  
ATGCATTTTATAGGGAGAGGCGAAGAAAAGTTGGGTAAGTCATTGGTTAA  
TTGGGTTTCTGCTTGCAGACCCCATCCAGGAGCTCATGTCTCCTCTTAG  
TGTCTGCACTGTAGAAATATCCAGGTTAGACGTGTAGGTAGGAAATACTG  
GACCTGCGTGGAGGTATTGCAGACCCCATTTATGTGTAGGGGAAGCAGAA  
CATCAAATATTGAGCCTTGAGCTCCACGAAGACAAGCCACCTCTTAGA  
TTTCAAGCGAAGTCGAGCTGAATAGATTTAATTCTTTCTTTCCCATAGTA  
AATGTGACTCTGGACCCAGAGACGGCCACCTCGCTCTCTCTCAA  
GGACCAGAAGAGCGTCCGATGGGAATACAGCCTGCAGGAATCCCCGACG  
GCCCCGAGCGCTTCGACGCCGATCCCTGCGTGCTGGGTTGTGAAACCTC  
ACCTCTGGGAGGCACTGCTGGGTGGTGGATCTCACAGAAGGGCAGTACTG  
CGCCGTTGGGTCAGCAGGGAGTCCCTGCCAGGAAAGGAGCCGTCAGCT  
TTAACCCTGATGAAGGCATCTGGGCTGTGCAGCAATGGGGGTTCAAGAAC  
AGAGCCCTCACCTCCCCCTCCGACCCCACTGAACCTTCCACGGGTTCCTAA  
AAAGATCCGCATCTCTCTGGACTACGAATGGGGCGAGGTGGCGTTTTTTG  
ATGTGGAGAACCAAATGCCCATCTTCACTTTTCTCTGACCTCCTTTGGT  
GGGGAGCGGCTCCGGCCGTGGTTCTGGGTGGAGCTGGGCTCCCTCTCACT  
GCCCAGATAACCCCGGAATCCCTGGAGGTGCTGTGGAGGTGCCTTACAGC  
AGCTCTTCCAGACCGGGGTGGAAAACTCTCAGGAAAAGCAGCATTAAAA  
CCTCATTCTCCCTCTTCCCAGTCAACCATTGTCTCATGTCTGGTGGCCCC  
CCCATCCTCAATGTATCAGCATCCTCCGTGTGTCTGTCTGGTGGCCCC  
CATTGATGTATGGGGTGGCTCCTGTTGGTGTCTGGTGCCCCCTATTGACG  
TATGAGGTGGCCCCATTGACGTGAGGTGGCCCCATTGACGTGAGGTGG  
CCCCATTGACATATGGGGTGGCTCCTGTTGATGTCTGGTGCCCCCAT  
GACATGAGGTGGTCCCCATGACCAGCCCTACCCTGGATCCAATGCCTCC  
TGATTGCAGTTCCAACTCTAGGGACGTTAAACGACCCACAGAGAGGATG  
GGGTCTCTTTGGTCTGATGGAGAGAGGTTGGCACCAGGGTAAGTCGCTG  
CCTACATCACCCTGGTGTGTTTGTCTCAGCAGCTGGTGTAATTTCTGCC  
ATCTGGGCTATTTCTGTAGAAAGCAAAGAAGCTCTGCTGGTGGGCAGCTC  
ATCTCCCAGTGTGAAAAGCAAATGCAACGCATGCACCCTGCTATCCAT  
GTGGCCATCCCTCTCCATCAGCTGTTGAAGGAGAAATCTGCACTCAGAAG  
AGATTGAATTGGGCTCAGATCTGGCTTGGGAAGATGATGATTCCAACAG  
AGTCCAGGAGACTTTGGGGAATGCATGAATCCTATAGGAAAATGGATAAC  
CCTTCATCCAAGAGCAAGCTGGCATGATGCTCTGGGGTGAAAACCCATAA  
TGCCACCTGGTTTTAAGGTTTGGGGTGGCTTACAATGTGCAGCTCTGCTT  
CCGGCGAGGCACTGGGAGCCCTAAACCCATGGAGAGGTCAAACAGTGCT  
GGAGTCAATTGTGGGCCAGCTGCAATGGGAGGTAGGCAATTATGGACAT  
CGCTGAAGCCACCCACGCTCTGGGGAATTTGGGTTTTTCACTTTCACTG  
CACTTTAATGGGATTTCTCATCAATGTCTGCATGTTCTTGGCCACCTGTT  
TAAAAATATAATAATAATAATTAATCTTTGCCCCACTGCGGGATGAGC  
AGCTGGTGGTTCCCAGCTCACAATAAACACACTTGAGACTCCCTGGAGA  
ATTCGCTTTCTTTTGCAGCTGGTTCCATGTGGGGCTGTTCAGCCCCCTCT  
GCAGCTCATAGGCTTTTCTTACAGCCTCTGCTCCACCTATTGCTGAAAA  
GGGGGAAATTTGAGATGGATCCCATTTTGTGAACATCTCCACCTGTGGG  
TAATGCTCAGACCTCTCAGCCCTGTGGGTTTAAATTTCTTTTCTGCAGCT  
TAATGGGTTGGGGATGTTTCACTGCAATAATTAGTGATGGGATAGGGG  
AGGCAGGAGAGGATCCAAGCAGGGGAAAGGGGAGGGGAAGGACATACTGT  
GTGTCTCTG

FIGURE 10

SUITE 42

REPLACEMENT (REGLE 26)



80/110

COSMIDE.txt

AGAATACCATTCCTCCCTATGCCAAAGCAGAACTGAGGGCAAAAATAGTG  
GTTATTTAAAAATATATATGTTTTAATTGACTATCAACAGGGCGAATGGC  
ACAAAGGTTGCATCACGCTGTGTGGTGGGTTTTGATGCAACTCAAAATTG  
CAACTAGGAGTTCTGTGCTAAGTGCTAAGGAAAAATGAGATGAAAAATG  
AGATGAGAAGCCGCCAGCTGTTTAATTAAAGCAGTTTGGTGACTGTCGT  
GCTATGGTGACTGAAGTAAGCAAGCACTGTGCTGCAAATGCCCCATCTC  
TCCTGGAAGTCGAGGATATTTTCCCTGTGGCCAATAATGACAGAGCATT  
TTAAGCCCAAATCTTTATCCAGCCAAATCCACAATGGAGACACCGATCT  
GCAGGGAGATTCCAGATAGCACATTCTGTGTTTCTTAAATAGGGCTGAT  
ATTTCCCTCTGTCCCACATGTGATCCATCTGAGCTCACACAGCCCTTAA  
AATCTGCAAGGATCTTGTTCTGCTGCCTGGCGGTGAGTGTCTTTTGGGG  
CTATTTGGCACCATTTTGGCAACGGGAGTTGGCAACGTCAACCTGAGTTC  
TTCCAGAGTTCTATGAAAAGCTTTAAATCGGGTTTTTGCACTTTTCCA  
CGATCCACCTCTAGGGACCAAGCTGGTATTGGGGGGGGGGGGGGGTGTGC  
TTTCAGGGGGGTTTGGGTTCTGTTTTGGGGGATATTTGGCATATAAAGGT  
GGTTTTACCTTTGGGATGGGCCTTGAAAGGAGTGTGTGTTGGCTGTC  
CCGTTCCTTTCTTCTACAAAGCCTTTCTTCTACAGAGGCTGCACCAA  
GGTCTCTTTTAGCAGATCACAAAGAGAGGGCGCAAAGAACGAGGTTAGAA  
TTCAAGTTTTTAGGGTTGAAATATGGGTAGGATGATTGAGTCCTTCTCCT  
TTGTCCGTACCAAGCCTGGAGATACCAATCTGAGATGTCAAACCTGCACAA  
TGGAGCCTTCAGTGGGATGAACTTCAGGCCAGATGCCCAAGAGAGGTGTT  
AAGTTTTGGTTAAAGCCACATCAGTAGCAATAGAAAGAAATGGGTGATT  
CATCCCTTCCAAAACCTCAACTTTTGGGAAGAAATTAGGGAAGAAATCCCGC  
TTCCGTGCTGAACCCTTCTGTATTTTCACCCCAGGGCAAAGAAGGAGGAT  
CGCGAGAGATTGGAGACCACAGCACCATGGCCTCTGCTGCTTCCAGAGCA  
AAGGAAAAGGGAGAGGGGGGCTCCCACCACCTATCCCAGAGCATCAGAT  
GGGCAATGGATGCAGCAGCTCCGTGGGTCTGAGAGGTGGCAGTGGCAGG  
AGCGAGGACGGCTCGGAGATACCGAGGTCATCAGCCACCGAAACCATCTC  
AGGAAAGGGAATTTCCACACAAAACCTCCATTTGGAGCACCTGGCAGAGAA  
GCTGAAGCTTTTGGGGCTGGATGGAGACAGAGGGGAGAAGGAGAACTCT  
GCTCGTGGCGCAAGAGGACATTCCCCTCCAATGGACCACGGGATGATGGA  
GGTCCCCTGGAGCCCCATAAAGGAGTCAGTGCAGGAGGATGTGGTCAG  
CCCTGTGTTATTCCCTAAAGCCCTGTTTAATCCTTCATGTCCATGCTGAA  
AACTTCTTCTCTGCGAAGTCCAACACATTGCATCTCTTCCCTTCTTTCTC  
CCATCACAATATCTCCCCAAACCCCTTTTTCTTCTCCAGGAGCAGATT  
CACAGCGATCTGGAGAACCTCAAGAAACAAAAGGAGGAGCTCTTAGAACT  
CAAAAGGAGTGGGGAGAGGCGATGCCAAGACCTTCTGGTAAGAAGCTGTT  
GCCTTCAAGCTGGGAAACAGAGGTCTTTTTGGGGTCCACGTTGTTGATT  
TTCCACAACCTACAGACACGGACGGAGGCTGAGAGGCAGAAAATTGTGTC  
AGAATTCCGTGCTCAGCTCCGCCGTTTTCTGAAGGAGAAGGAGATGGTGCTCG  
TGGCACGGCTGGGGGAGCTGGACAGGGCTGTGCTGAGGAGGCAGGAGGAG  
GAGGAGGCCAAGGTGGAGGGGGACATTTCTCTCCTCGGCATCCTCATCTG  
TGAGATGGAGGAGAACTCAAGCAACCCACACGTGGATTCTACAGGTTG  
GATTCTACGGGTTGGATTCTATGGGTTGGATACTCCATTGGACCCTCT  
CCCTTCTTGTCACCTTCTCCAAAGCTGGGGGAGATTGAACCATTTTTTC  
CTATCTCTTTCAATTCCAGGATGCCAGAAGCACGCTGAGCAGGTATGTGC  
TCCTTCAACCTCATTCAACGGGGTGGAAAGGGTTCCTCATCCCCACACCC  
ACGGATTCTAGCAGAGAAATGAGAAATGCATGTGATTGAGGCAAGGTTGG  
AAGTCCCATGGGGGTCAAAAAGTGCCTCAGTGTAGGAATGGCCCAAGAGA  
AAGACCTCGTGGCCATTGGGGCGACCCAAGGGACCGCATTCTGTACGGAG  
CAGGTTGGCATCCCCAACCTGTGACAAAGGGACATTCTGGAGCCAACCA  
CCTCAACCTCCATCCCCACATCACCAGAGATCCCCACACTCATCACCACC  
AGTCCCAGCACTGATGAGATTTGTGTCCAGGTGGGAGAGGGGCAGAACAC  
GAAGGATGACAGAGTTCCTCAGGGAGACGTTGGGGAGATTCCAAGGTAT  
TCCCAGCAACATAAAATCCTCAGGGAGACGTTGGGGAGATTCCAAGGTAT

FIGURE 10

SUITE 43

PEUILLE DE REMPLACEMENT (PAGE 26)

81/110  
COSMIDE.txt

TGTGGACCACAGTATTCTTACCACATAGGATTTGCTTTGTACTGAAGGTT  
GGGGGGTTTTTTGGTCGTTTGAATAGGAGTTGTATACACTATTGGAAAAC  
AATTTGCATTAACTCACACTATCAATCATTCTTAGGCCTAAGAGCATCTG  
TTTTTTTAGGACCAAATCCCACAGATCCCACATAAAATCCTGCACAGATAT  
CCATGATAAAACATGGTGGGAACTGAAGCAGGCAGATGTGGGACATGACAT  
CCAACCTTCTGTTCATCCCCAGATCTTTTTCTATCTGAGCTGGAGAAGGA  
GGAGGGAGCATCTGTAGGAGAAGAGGGAAAAGGTGAGTCCTTAAAGCATT  
TTCCTTTTGTCTCCATTGGTCATTTTTTTAGCCAAAATACTGCGTCAGAGC  
ATCTGGAAAATGATGGTTTTTGTAGCTCATTTCTGGTTTCCTAAAGGTGATA  
TAAAGAAGCTTTCCTATATTTTCTAGCAAAGGTTTTCTGAGCTGGAAAATAT  
GGAGACATCGCTGATCCCAAAGTAGATTTGGGGTGCTGTTCCAGCTTTAG  
GGTGATGCTCACCCATTTCTTCTCCATCCCCAACAGCGTTTGTACCCCTG  
GACCCCACTGCCACTGCAGGGCTCGTCCTGTCCCGGGACCGACGTGG  
GGTGAGATGGATGGATATGGGGCACAACATGTCCCCTTGTCCCCAACGCT  
TCGATGTCTCCTGCTGTGTGCTGGGCTGTGAGGCTTCACCTCAGGGTGG  
CACTTTTGGGATGTGGAGGTGATGGGTGGTGCCACGTGGGCACTCGGGGT  
GGCACGCAGCTCTGTGCCCAGGAAGGGTTGGCTCACTTTCCACCCCGATT  
ATGGGATTTGGGCTATGGGATGCTGTAGGAACAGCTTCCGAGCTTTCACA  
TCTCCCCCATCC

FIGURE 10

SUITE 44

82/110  
D12FOR.txt

GGGGGGCGATATGGGTGGTGGGACATGAGGGGGCCGGGGGGGGTCTGGGTC  
TCACCCGCCAGCAGCAGCCGCAGCCCCGCAGCCATTGCTCTCCGCTGCTT  
TCGCTTTCGGCTCCGCTGTGGCCCCACCCCCTCCGTCACTTCGTCAATAT  
TAATTTTAAATCCCTGAAACCCATTAAAAAAGGGTCGGAGAGGGGAAAAC  
TCATTCAGGAACAGTGTTGGAAGAGGGGACATGGGTGGGACAACCCGGCT  
TTCCCCACAGGCCGACCTAAACACAGCCACTGCCACCCACCCCGGATCCA  
TGGGTGACGTAAGGATGAGGTTCCAGCACATATTGGACCCTTCTGCGTTT  
GCATGG

FIGURE 10

---

SUITE 45

83/110

ElREV.txt

GTGGGGGGGAGCGTCCGCGCTGACCTCGTCTCGCTGTGTTTCAGGGCGCC  
CCGTGCGCGCGCTCCAGGTAACGTCCCGTCCCATTCCCGTCCCGTTC  
CCGTTCCCGTTCCGCGCTGCGCGGAGCGGCCCCGATCCCGGCGCGGGGCT  
CAGCTCTGCGCGTCTCCCCGAGGGATGCTGAATTAGCTGCTGCCCCGCC  
GAGCCGCTGCACCCGCACCCCCGCTCTCCCGGCGCTCGCTCGGCTCTC  
CCTCGGGCTGCCACCGCGTCCGTTGGAGATGTCGCCACGATGCACGCTTC  
GTCCCCATCCTAATAAACGCGCTGACTTTGACCCCGCTGTTGCTGCCCC  
TGAATCATTGGGGACTTTCCGTCGCGTGGGAGGAGGGGAGGGAAGTGAAA  
GCTTCGTGGGAGATAAACCCAGCACCCCTATGGGTCCCACGGGACGTGGA  
TTGGTGGGGATGGGGTGGGATTGGACTCTTGGTGGTCATTTCCACCCATA  
GGGAGCTCGCGGCCACCCAGTGGTCCTCATATAGACTCCATGGTCACACC  
ACTGTCACCTTTTGGTCACCCCATGATCCCTGTGTTACCTCCGGGGTCC  
CTCAGTGGTTACCCACGTTCCCCCAGAGGCTCCTCCTGTCGCCTTCATC  
ATCTCACCCCATGACCACATACCCCCCTCCCCCTATGGATAACCCAAAG  
CCATCACCAGTGGTGTGGGATGCAAACACGGGGCCCCGGACCTGTCCCT  
ACAAGCACAGGGTGGTGACACAGCCCAGACAGTGATGCTGTGTCAATTTGT  
CACCAGGCAGAGGACACACAGCCACAGCCTGGCTCAACTCGAATAATATT  
TTCTTTATTTACATGTTAAAGAATCGAAAGTTGGAAACATACAGTAAGA  
TGAAAACACGGCTCTAAGGGTCTAACAGTGGGGCAGGAGGTGGGGGGGA  
GGAAAAAAGAAAAAAGGGGAAAGAAAAAACAAAAAAGTAGAAAAAA  
ATGATACAGTCAACGTAAAAAAGGGGTGGCCCTCCCTCCCCAGTGGGAA  
CATGCGGCGCTGCGTGCCGGGGGGTTTTATGTACAGGGGCGGGCAGCTC  
CAATAAATTAAAACCTCAAATAACAATGAGGGGGGAAGGGGGGGTGCAGA  
GCCCCCTCGTGGGTGGTTTTCTTCTTTAAATGCTTTTTTTTTTTTTGT  
AATTTTTTTTAAATTTTTTTTTTTTAAATTTTTCTTAAAAACCCAAACCTT  
TTTCTCCCCCCCCCTTTTTTTTTTTTTTGGAAAAAATCCCACGAGTCAG  
GAGGAAAAAAGAAAAAAGCCAAACCTAACACAACAAACAGTAAAACCT  
GCTGGGGGGACCGCCGACCCCCCTTGTCCGACCCACAGCCCCACACT  
GCCCTGGGGACGCTCGGGGGCCTCCGGTCACACCGGGACCCCACTGAG  
TCCATGGGGCTCCCCTGGGCTGCTGGGGGCTCTCGGTCTGCTCCATGC  
CGGCCCGGTCTCTGAGAGCCGCTCGGGATGCTGCCCCATGTGGTGTGTG  
GGGTTTAACCCGAATCCGAGTCGCTGGTGTCCGAGGACGAGGAGCTGGAA  
CTGGAGCTGCTGGAGTCGGAGCTGGAGCTGGAGGCGCTGAGCCGTGAAAC  
AGCCACCTGCTGTGCTGACTCGGGCTTCTCGTTGGCTGCAATGGGACAAC  
ACTGCGCTCAGCATCACACAGATCACACCCCAATCCCACTCCAGACCCC  
ACACTACCCCTTTTTTGGGGGTTTCTTGGCTGAGTTGAGCTGCCCCGCTGA  
CGTCTGACAGCCGCTTCTCCAGCTCCCGCTTCTTCTCCAGCGCCAGTTCT  
TCTTTCGTCTTCCCCACCGGCTTCTTCATGGCTGTGAAATTCAGGTTGAG  
CCCCACACCATCCACCTCCACCCAGGGCGCCCCCTGAACGCAGCCCC  
CCACTACTCTCGCTATAGGGTTTTCGGGGTTTCTTCCGCAGGCAGGACA  
GCACGTAGGCGCTCCAGCTCACGCAGTGTGGAGGGTTTGAGGGTCTCGAAG  
TCGATCTCGATCTCCTCGGGGTGGAATCACGCAGTGAGGGCTCCCGGGA  
CTGGATGATGTGCACACACGGCCAGCTTCTCCCCGGGCAGTTTGTGTA  
TGTCCAGGCTCAACTGCCTCTTCTCATCGTACGTCATCGGTTTGCTCTCC  
TCTTCTCTTCCGAATCGTAGAGCGTGGGCGGAGGCGGCAGCGCCGCTTT  
TGCTGCTTTCTTTGAGTTCCTGCAGGAAGCAAAGCACCATCAGGAAAAATG  
AACCTCAGGAATCACCCACAGCTGACCATCATCCCCAAAAAACAGCCT  
AGACTCACTTGGAGCTGCCCCACCGCTCCCCCGCGCCACCCCTTCTTG  
GCTTTGCGGAGCTGTGCCTGACGCGCCGGCTCTCTTCATCTCCTCCTCG  
CCCTTTGTGCTTCTCCGATTTCTTCTTTTTTCTTTTTCTCCGCTTCTTTT  
TGGGTTTGGAAACGGGGCCCTGTGAGAGGGCAGCCAGCTGCTCGTGCACG  
GCCGCGAGCTGTGGGGGGAGACAGGGGGTGAGGCGGGCATGGGGAGCAGG  
CACAGGCAGCAGCAGCGGCCAGCTCCGGCCCTCACCTGCTCCTGCAGCT  
CTGCCAGGCGGTGGCACGTTCTTCTCCGAGTCAGAGCTCTCCTCGCTG  
TCTGATGAGCT

FIGURE 10

SUIITE 46

84/110  
E1REV.txt

TTCATCTTCATCATCCTCATCGCTGGAGGATTCTCGGAGGAGGATTTGG  
AGAGGGCTCCAAGCAGTGGGGCAGACACTGAGGGTGGGCTGGCGTCCTGC  
GGCTCATCAGGCATCTTGGCGTAGCTGAACTCAAAGACATCCTGAGAGAG  
AGGACACAGAGGGGTAAAGCTGACTGGGCTGGGGGTTACGGGGCTGCTGGG  
TGACCCACCCACCTGCAGCTTGCGGGCCATGGCCACCACATCGTGGTTCG  
GGAGGGTTGTATTTGTAGCAGTTGGAGAACATTAACCGGACATCAGCGGC  
AAACTCCTGTGCGTCATGGTAGTCCCGGTTCTCCATCTTCCGCTGTGGGA  
AGGGAAAGGCGTGAGCAGACCTCAAAGCCACCCCAAAAGCCCCCATGA  
GGCTGTGCCAAGGCCACGGAGTCCCCAAGCGAACCTTGATGGTGTCTGAG  
GTCCATGGGGTGTTTGATGATCTCGTGGTAATCGTGAGCCCCAGCGCCG  
AGGCATCGACCGGCTTGTAGAAGGGCCATGCGTAGGCAGCGTGCTTCTTG  
GAGAGCAGCTCCTTCAGAATCCCATTGCAGTATTTGAGCTGCTCCGACAA  
TTTGCCCTTTTTGGAGGTCTGATGCTGCTGGGAATCCGGCAAGTCCTTCT  
TGGGGGGTTTTGATGGGGCGGCCGCTCTCACGCCGTGCGGGAATTTTGGCC  
GCCTTGGCCTCCAGCAGCGTGGCTGACGGGGAGGATTACCGCTGGTGGC  
TATGATGGCGGTGGTGGTAGGGGTGGTGGTGTCTGCTTCCGCTTCACAC  
CCTTTTTCTACAAAATACAGAAAGGTTGATGAATGGGAGGCCCAGCACA  
GCCCACAGAGCCTCCTCCCGTGAGCGAAGAGCTCCCATCTCCACCTTGG  
CCACGGGTTGGGTGGGCGCAGGCGCAGTCAGCACAGCCGGGGCAGTGGAG  
TGCAGCGACTTGAGGAGCGGAGATGACGGACGGGTGGGGAATGTT  
GACAATGGTGGTGGCGATGTCTGGGGCTTGGGGTGTACACAGCGGTGTGGG  
ACACAGAGGAGACAGCTGGCACTTGCTGAGCCGCTGTGAGACCTGCCAGG  
AGCGCTGCGGACAGGCAGAACCCCCATTAGCACCAAGGTACCTTCAGTGC  
TCTACCTGAAAGCGCAACCCAAAGAACCCAGGTACCTGCTGCCCGCGAC  
GCTCCCTTCTTGTGGCTGTTTTTGGCCACTGGGACCACGATCTCCTGCTC  
TTCTGGTGGCATTGTTGGGCCACCTTCTGCAGGAAGATCTTCTCAGGGTTT  
GGGCCATCAGCACAATGTCATCTGTGGGCTACAGGGACAACCGAAACGTC  
ACAGGATGCAGAGATGGCATCAAAGGCCTCAAAGCATCCATGCTGCAGTC  
CTCACCTTGTATAGATATAGCAGTTTGTGAACATGGTGTGAAGTCCCTG  
CATACCTCAGCTGCCCCCAGTAGTGTGTTCTTCCAAGCGCCGTTTGA  
TCGTCCCATGTCCATGGGCTGCTTGATGATCTTGTGGTAATCCTGCATA  
GGGGATGGACAGTCAGCGCCGTGTTGGTAACCACACTGCACCCCTCCAG  
CCCCAGAAGCAGTGGTTTGGGGTTTTAGGAGCTCAACATCCCCAAAGT  
ATCAGGACGTTGACACGCACACAGATCCGCTCTCGCACCATGCATCAAAA  
GCAGGGCAAAAGGGTGCAAAGGGATGGAAAAACACCTCCGGGTCTGGTCC  
CCGCCCCGAGAGTGCCACCGTGCTGCTCTGTAGGGGACCTTCAGGTGCTCT  
TGTGGGTTGCCTACGCTATAGGGACAGCCAAAACACTGCTGTCCACAGCA  
TGAGGTGCAATGGGGGCCACTAATGCTAAAGTAAGAGCAAACCTATGTGG  
AATTTACCTCTGGGCTTTAAATCCTTGGGCGCCACAGGTACACAGGGGGC  
TGGCGTTTAATATTGGGGTCACAAGATGTCTTCTACAAATTATGGATGG  
GAATCTGCAAAACGCATTACAGGGCACAAAGAGATTAGGTGAGGAAACATCC  
GGGTTCCCTCTAGAGCAGCTGCGTCACCTCACCCATACCCGTGCGGTGGC  
ACTGGGAGGGGACAGCAGCTCTGAGGACATCAGGTACCTACTGGGGGGG  
CTTCAGAGCCTGTGGAGTTGGGATTATGCCCCTAAGAGAGGGCGAGGCCA  
GCACAGCCCAGGCACCTGCAGCTGCATCTCTGTGGTGGAGCCCATAGAGG  
GGACAATGCTGTCCCTGTGGCACTCTCAGGCTGGGGACCACGGCTCGGGG  
TGGCCCTCAGCACCCAGGGGACAAGTCTGGGGACACACAGCCATGCTGGG  
GGACCCACAGGAGGGGACACGTTACCGGCAGACCCAGCTTGACGGCGTTCG  
ACGGGCTGACGGAAAGGCCAAGCGAACTGGTGCTTCCACAGGGCTTTCAT  
CACCCTTTGTGCAGGTACTGCAGCTGGTGGTGACCCGGCCGGGCTTTT  
TGGGGTTCGAGACCTCTGGCGGAGGGGGTTCGCCTGGGGGGTCTGTAGG  
GCCGGCACCGAGGCCATGGTGGGGCTCTCGAAGCCCTCGTAAAGCAGCGA  
GGGTTTGGCGATGCGTTTGCCCGGGGTCGATTCCGTCGCCAAACCCATAA  
GCCCGGCATTTCCCTCCCCCAGAATCCTGCAAGGGAGCAAAGACAACAT  
CAGCAAGGATGGGGCCAGCGTTCACCACCAAGGTGCACAAGAACAGCTC

FIGURE 10

SUIITE 47

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

85/110

E1REV.txt

AAAAAAGGCCAAAAAAGTAATCAAAAAAGGAAGGTTGGAGCAAACAAA  
GAGTCAGTGCAGGGGGTGACATCAGGGCCCAGCAGTTTCACCACCTCGGG  
GTACGACAGCCTGCACTACAGCATGACAAGGCAGCACCCAAACACTGTGG  
CCCTCAGCTGGATACACAACAGTGGGCTCCAAATGTCTGGGGACGGGGGC  
AGAATTATTTAAGTGGGGAAAAATGAGGATTTAAGCAGCTGGGAGAGGTGG  
GATGTCTGCAGCGTGAGGAGAATTTGTCAACGGGAAAAATACGGTGAATGT  
CGAGCACTGGGGCTGCTTTCTCAGGCAGCTCCAGGGTGTTCCCCATCCT  
GCCAAGGACGTGGTGGGAATGACAAGGAAGGAAGGTGACAGAAGGACACA  
GCGGCCCCAGTAGTGGCGGTACAGGGTGGGAGGACACGGTGAGACCCCTC  
AGCATGGTGACAGTGTCCCCGAAAGCAGCTCAGTCAGCAGAGGTGGCAGC  
AGGGCCCTAAGGGCCCTTGTGATGCTGACCCCAAGGACCAGGGGTATGAG  
GAGTGGATAAATGGGGGTGGCCCAGACAGGATCCATGGGAAAACAGGGCT  
GCCAGGTTCCCTGTAGGATCTGTGTCCCTGCATCCCTGACAGAATTCACA  
TGGACACGCGGGCTGCCGAGTCCCAACATCCCTGAAGGACCCACAGAAAT  
GGGAAGTGGATAAATGGGAACAAGCAGCAGATCAATGGGACTCAGTGACC  
CCAAACTCAGAGCTCTGTGACAGAAAAGCCCCATAACTCTGGTGGACATC  
CACACTGCACCCTAATCCCTGGGCAATGAAGGGATAGCAGCAGGGAACCA  
CTGTGTCCCTGTATCTCTGACCCCAAGAATCCATGGAGATGGGGAATGG  
ATAAATAGGGATGGCTCTGTAGAATCCGGGTCCCATTCCCCTCAAATAAT  
CCATGGGAATGGCACTGTTGGATGCATGGCCTTGAGTCCCTGTCCCTAAA  
AATCTGTAGGAATGACTCTGTGCTATGCACCTCCCCGTGTCCCTGTTAGG  
ATCCATGGGGACAGCAGGCTGCCAGGTCCCCTGTATGATCCACAGCCCTA  
AAAGCAGCTTGGTCAACAAATGGGAGGGAACAGCGGGTCCCTAAAGAGCG  
CCAGGTCGCCATGTCCCTGTCCCCAAAGGACCCACAGGTACAAGGAACGA  
ATAAACAGAGACAAGGAGCACTCAGTGGGATACAACATGATGTCAGGTGCA  
GAGCCTTTGAACACAGAAGCCCCATCTCCCATAGGATTCAGGTCCCCAT  
GCCCCGTGTTGGAACCATGGGGACAGGGAGGCTGATGGATTCCCTGCAGGA  
CTGAGTTCCTGTGTCCCTGACCCCGAAGAATCGATGGGGACAGAGAGTAG  
ATAAACAGCGATAGCCCTATAAGATCCAGGTCCCCGCGTCCCTGTCAGGA  
TCCGTGGGGACCGTGGGGCTGCCAGGTCCCCACGTCCCCGTCCCCAAGCA  
ATCGATCCACGGGGATGAGGAACACATAAACGAGGACAACCGGCATACAA  
ACGAGATCCAACCGGCCCCGGGTGGAGCACCGGGACGCGGCAGCCCCATA  
CCGCCGTCCCCGCAGCAACGCCATCCCCGGTTCATAACTGCCAACACCCC  
ACAGCCCCCCCGGCCCCCATTCCTGCCCTCATCACCTACTTGCTCTGG  
GGATTACATTTCTGCAGCATGCCGGCGGCTGCGTGCCCGGCCCTGGCTCC  
CGGCCTTCTCCTCCACCTCCTCCTCCCGCCGCCGCTCCTCCGACGTCC  
CCCCACTTTGCCACCGAGCAGCGCCGTTAAGGCAGCGGCCCTCGGCC  
GGGCATGAGGCGGCGGCTCCGGCCGGGCCCCGCCGCGGCCCTCACATCA  
GCGGAGAAAATGGCGGCGGGGCTGGATGGAGAGGGGGGACCTTCTGTCT  
CTCCGCTGCGCACAGAACCCGCCGCGACGCCGCGATATAGAGCCGGGAA  
AGCCGGTAGGAACCGGATAGATCCTCGGAAGGACGGTGTGAGGCGGATGG  
AAGGCGGACAGAGGGCGGATGGAGGCGGATGGTTCAGCGGGAGGGCTCCA  
TCTTGGCTCGTAGGCCCCGAAGAGGAATCGGTGCCGGCGGCCGAGGCAG  
GGGTGCTACGAGGCGCGGGAGGGTCCGGTGGAGCCGTCCGGGAGCGCG  
AAGGCGGGGCTGGGCCCGGGTGGAGGATGGAGGCGGATTGGGGCCG  
CCCCCAGCGCGCGCGAGCCCGACCCGACCCGTCCCTTCGTCCCCACGA  
AATGGCGCGGCTCGGCCTGCCCCCGGCCGCCCTTATATAGACACCACCTG  
GGTGCTGATTGGTGGTGGACGCGCTGACGTACGCCACCCGCTTGACCC  
GCCCTGCCGCTGCCTCATTGGACGGCGGTGCTCACCGCGCAGCGCTCCTC  
TTGGCCGCCCGCACGCCACTCACCCGCGCGCTCCCCCCCCGCCCTTCC  
GCCCGGTACTGCGACGGTCATTGGTGGTGCTGCCATTCCCGGCGCGGCG  
ATTGGCCACCACGGATCACGTGAGGGCGGCGCTGTTGGCTGTTGTTGTGCG  
CGCGCGAAGGTGCAGAGGGAGGGGGAGGGCTAAGGCGGGCGTCGCCATTT  
TGTGTGGCGGCGGCCAACGGGCGCGGGCGTCCCGGGGGTTCCGACCCCTCC  
GCCCAAAGGCTCCTCAGGGGGTTCAGCAGACCCCACTCAGTCCCTACGGG

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUIITE 48

86/110  
ElREV.txt

GCTCGTGAGGCTCTCCCAGCCGACAGCGGCCATCGGGCAGCGGAGCCGCG  
GCGGTCCGCGAGCCGCGGGCTGAGCTGTGGTGAGGTAGTGAGCTGGGTCC  
CGGGGATCCTGAAGGGTCTTGAGGTAATCGCGGCCCTCAGCGCGGTCCCG  
GGGCCTTCAGTGCCACCCACGGTGGTACTGGGGCCCTCAGACCGTCCCC  
TCCCCCACTGCCACGGCGATCCGGAGGGGGGGGTCCGAGGCCGCCCCGT  
GTCTATTTCGGAGGTGCTCTGTGCTCTTCTTCCCCACGGCAATTCTGGAGG  
GCTCACAGCTACTCCAGAGCAGCCCCATAACCGTCTTGGGGGCCTCACTA  
CCACCTACAGCAACTCAGAGCCTCCCCCACCACCAAAAAACAATC  
CTGGAATCCCCAAGGCCATCCCACACCAACGCTGAAGGTCTCAAAGCCCC  
CCCTCCCCCACACACACCGGTTCTAGGGTCTCAGAACCACCCACAGCA  
ATCCTGGGACGTTCCACAGCCCCCTCCGTAGTAATCTTTTAGTTTCTCAAG  
GCCAACCCGTAGCACGGGGGGCCTCCGCTGCCTCCCCTCGTGGCAATCCT  
GGGGGGCTCAGTGCCACCTCACAGGAATTTGCGGTGCTCAGAACCTCTG  
CAAAGCAATCCTGGGGTCTCGAGGCCACCCACACCGATCTCAGGGTGC  
TCAATGCCACCCACAGCTGCCCCGGGGCCGTACAATCACCACACACC  
AATCCTGAGAACTCAGTGCCACCCACAGCCAATCCCGGGGTGCCCAT  
TGCCTCTCTAAAGCCTCCACCCCAATCCGGGGGTGTTCAATGCCACCCCA  
CAACCCCCCTCAAAGCACTCCTGGATACCCACGGACACCCCAACGCCCT  
AAAACAAATCCCAGGGCGCTCAATGGAACCTCCCGCGCAACCTCGGGCTG  
CCCCACGCCCCCTCAACTCAAGCACGACCCAGAGACCCCCCTTTTCTCC  
CAACCCCTCCGGCCCCACAGCCAAAGGCTCTCAAAGACCCCCCCCCCAGC  
GATCCCGGACCCGAACAGGGCTTTGGGGTCCCCCCCCACGGCGCTCCCGGT  
GCCGCCCCCCCCCGCCCCGTGACACAGCACTTTGGATCCCCGCGGGCCCT  
CCCCGCGCGCGCCCCCGCGCAACACCCAAACATGGCGCTTTTCGCCCCA  
AAAGCGCCGGGCACAAAGCGCGCGCCGCCATTGGTCTGCTGCCCCCGTC  
CTCGCTTCCCATTTGGCCCCCTTCGACGGCGGAGGGGCGGAACAGATTGA  
TGGACAGCTCATGCTCACGTGTCTCTCCCCCCCCCGATTGGGTCTTTTT  
GGTTAAAAAATAAAATAAAATCATAAAAAAGGGCGAAGTTGCCCCATC  
GTCACCTCACCTGAGCCGCTCCCACGCAGGGCCACGACCCCCAACCCGATA  
TCATCCTCGCGTCGCCCCCTTAAAGCCCCGTTTTTGGGGCAAAAAATCAA  
AAAAACATCCCAGGGCAGAAAAAGGAGCCACGCGCTACGTCAGCTGCAC  
CGTGATTGGCCACCCGCCGTACGTCACGGCCCCGCGCCACTCCGACGGC  
CCCATTTCATGGAGCCCGGGCGGGCTCCGCGGGGTCTATCGCCGCTCCGGA  
GGGGGTGATGGCGCGCATGCGCAGTGACGGGGGCATGTGGTGGGGGGAGG  
GAGGGGTGGGGCTGTGGGGATGCCCGGTGTTGCTGGGGGGCTGCTGTAGG  
GTTGCATTGGCATTGCGAGGATGCAGCCATGAAGATTCACGGCATTGTAAG  
TGTGCATCTGTAGGGGCCCTGGCATTGCAAGTGTGCACCTATGGGAGTG  
CCCGGCATTGCAAGGGTGCACCTCTGGACGCGTTTGTATTGCAAAGGGT  
GCAGCTGTGGTGGTGAATGGCATTGCAAGGGTGTATCTATGGGAGTGTAC  
AGCATTGCAAGGGCGCACCTATGGGTGTGCCTGGCATTGCATGCATGCAC  
GTGTGGGGATGTATGGCACTGGGGGGGTGCACCAGTGGGGGTGCTTGGGA  
TTGCAAGGGTGAGCCTATAGCAGTGCCTGGCATTGCAGGGTTGCACGCAG  
GGATGCGTACGGCATTGCAGGGGTGCAGCTGCCGGCATTGCAGAGGGCCG  
AACCCGCCCCGTACGGTTGTGCAGCGCTTCCAGCTCGGAGGGCGCATTGCA  
GTGCGGTGCATTGCAGTGCAGGAGCCACTGCTGCAGGGTGTACAGTGCA  
CGCCCCGAGGATGTCCCCTCGGCTCCAAACCCCAAAACCCACGCTTATT  
ACCCCCAAAAACATACTTTTACACACAAGACACATTTTACCATCAAAC  
CTCAGCTTTTCCCCCAAAATCCCTCACAAAAACAAAATCCGCGCCGTGA  
TGAGACACCCAGAGATCTACGGAGCCTACTCGTCCCCTGCTTCATTAAT  
TAGAGCTGCTTATTAATTGCTTGGGGGTGGCTCAGCGCCTATTACAGCGT  
CGGGGCTCCCCGCTAGTTTCTTCTATCTAGTAACAAGTGACGCAAGGTAA  
CTGCGGAGCGCGGCCATTGGTTGAGCCGCACGATCATCTCCTGTCACAGC  
GCTGGTGTTCGCCGAGATCTGTTCTGCCTAGCAACCGATGACGCGTAA  
GCCGCGAGGCACGGCCATTGGCTAAACTGGTTGCCGGTAGCAGAGGGATG  
GGGGCTGCGAGCGGGCGGGGGCTCGTGGCAGCGCTCTGGGGGCGGC

FIGURE 10

SUITE 49

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

87/110

E1REV.txt

CTCTGGGGAGCGCTCAGAGACCGGTAGGGGACGAGGGCGGGGGGCGGTATGGG  
TGGGCACGGGGTAGTGCCAGGGGTGTCCAAGATGTGTGCATGGGGAGTGC  
AAGGGGCTGTGCAAGGAGTGAATGATGCACTGGGGCAAGGGGTGGGCATG  
CACTGGGGCAAGAAGTTGTGCAAGGGGTGTTTGTGCATTGATGCAAGGGG  
AGGATGAGCAGGACTGTGTTTGCATGCATGCAGGGGGTTGTGCATGGTGT  
GATTAGTGCATTAGTGCAGCGGGGTTGAGTGTGAGATGTGGAGTGTGTGC  
AGTTGTGAAAGGGTTGCCATGCACGAGCTGATGTGCGCTCAGTGAGCGTG  
CACGCAGCCTGCAGAGTGGGTACACCTGCAACAGGAGCATGCATGCAGCAGA  
TGTGTCCATGCACAGTGTGTGTGTGCTGGTGTGTCCCCATGTCCCCAC  
GCCCTGTCTGTGCCTGCAGAGCCATCGCTGCACACTGTGTCTGAGGTGCT  
CTTCTGCCAGCCGGACAGCCGCTCGCTGGGGCTGTCACTGGCCCTTCGACT  
CAGAGCAGCTCTTCTCATTTCGATGTCCCCAACTCGCAGTGGCTGCCGCAG  
CTCCCCGATGGCCCCCTCGTGGCCCCGAGACATCGAGCAGCCCCACGAGCT  
GCTGCACGACGCCGCGCTGTGCCGTGAGCTGCTCGATTGCTCACCAGAA  
TCGCCACCGGGCCAAACCCAATGCCTGAAGCCAAGGGTGGGTGCTGCTGT  
CCCCGCTATGACCCCACTGATGGGTCCCCAGCCGTGTGTTCCCAGTGATG  
CTGACCCCAATGGACATCCCCAGTTGATGCATCCCCATTGATGCATCCCC  
CACAGACATCCCCATTGATGCTGTCCCCATTGATGTGTTCTCAGTGGATA  
TCCCCAATTGATCCTGTTCCCAATGATGCTGTCCCCAATGGACATCCCCA  
TTGATGCTGTCTTGTGTTGAAGTTGTCTCGATTGATGCATTTCCATTGATG  
TGTTCCCCAATGGACATCCCCAGCTGATGCTGTTTCCCAGTGATCCTGTCCC  
CATTGATGCATCCCCAATTGTTTTATTCCCCATTGATTTATTCCCCATGG  
ATGTCCCCACTGATGCTATCCCCAGTAATGCTGTCCCCACTGATGCTGTC  
CCAATGATCCTGTCCCCAGTGATGTGTGTTCTTAATGGACATCCCCAAT  
GATGCTATCCCCAACGATGTGTCCTCACTGATGTGTGTCCCCAGTCCATGTG  
GTTCCCAGTGATGTGTGTCCCCAACAAATATGACCTCACTGATGTCTCCCCAG  
TTGATGCAATCCCCAATGATGCATCCCCAACAAATGCATTTCCAATGATAT  
TTCTTCAATATGATGCTGTCCCCAATGATGCATTTCCCCATTAAACGCACTC  
CCACCGACGCATTCCCACCGATGTGTCCCCACTGATGCGTCCCCACTGAT  
GTGTCCCCACTGATGTCCCCCCCCACAGGCATCCCGGTGGCCGACGTCTT  
CTTGACGACAGCCTCTGCAAGTCTGGCTACCCCAACACTGTGATCTGTATGG  
TGGGCAACATCTTCCCCCAGCCATCACTATCAGCTGGCAGCGGGATGGC  
ATCCCCGTACCGATGGCGTCAACCCACCTCACCTACACCCCCACCGAGGA  
CCTGGGCTTCATGCGCTTCTCCTACCTGGCGGTGACACCGCACTCTGGTG  
ACATCTATGCCTGCATTGTCACCCGCGAGAGGGACAACATCTCTGTGGTG  
GTTACTTGGGGTGAGTGGGGATGTGGGGGTGATGCTTTGTGTCCCCGAG  
CGGTGGCTGATGGGGGCGGGTGGTGGGAGCAATGCTTTGTGTCCCTGCAG  
TGCCACAGGACCCCATCCCTTCGGACGTGTTGGCCACGGCGGTGTGCGGG  
GCAGTGACGGCGCTGGGCATCCTGCTGGCACTGCTGGGTTTGGGGCTGCT  
GCTGTCCGCCCCGCCGGCGCAGTATGTGGGGACAATGGAGACAGCAGGGAC  
ACCCGCCCGTACTCACTGATGTCCCCCAATAAGTTGATCCCTCGGTGTGG  
GAACGGTGATGGTGATGTAATTAAGCCCTTCATTTGCAGCGCGGTGTCC  
TTGTTTGTCCCCACTCCGGGAAGGGTGGCAATTAATGGGGTTGGGCATTG  
TCCCCATGGCCCCAGGTGGCAAAGTCTGATCCCATTGCACCGCCCCATGGG  
GTGACGTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGAAGGAGTAGGAGGAGGTGA  
AGGTGGCACGGAGGGGATGAAGGCAGCAGTGCTCCTGATGGGGCCAAGGG  
GTTTCAGGGTGCTGGGGGCGATGGGGCTGGTGCTGAGCTGCGGGACAGCA  
GGTAGGATGTGGGGAAGTGTGGGGTTTTTGGGGTGAAGCATGGGGGTTTT  
AGGGTGCAACATGGGCTTTCTGGGGTGCAACATGTGGGTTTGGGGGTGCA  
GCATGGGGGTTTTAGGGATGCAGTGTGAGTTTTTAGGGTGCAAATGGAG  
TTTTTGGGGTGCAACGTGGGTTTGGGGGTGCAGTATAAGTTTTTAGGGTG  
CAACATGGGTTTTATGGTACAGCGGGGGCTTTGGAGTGACAGTATGGGGT  
GCTGCATGTATGCATAGTGCACAACATGGGGTTCTTGGTGTCAGTGTGA  
GTTTTTAGGGTACAGAGTGTGTTTGGGGTGGGGTGGGGTGGGGTGGGGT  
GTGCGAATGAATTATTAGGGTACAACATGGGGTTTTTAGGGTGCGGCACA

FIGURE 10

SUITE 50



88/110  
ElREV.txt

GGGCTTTGGGGCACAGCCCCAGTGCTGTGCCCTCCCCATGCCCCAACGC  
AGGCGCCTTCGTGGTGCACATGGCCAGCTCCTGCCCCTGCTGGCCAATG  
GCTCCCTGGGCAGCTTCGACCTCACCATGGCCTTCAACAAGAACCCTCTG  
CTGTGCTACGACCCCGACGTCCACCGCTTCTACCCTTGCGATTGGGGGCT  
GCTGCACACCGTTGCCACTTTGCTCGCCGCCATCCTAAATGATGATACCA  
CATGGGTGCAGCGTGCAGAGGCACGCAGGCAGGCGTGCCTGAGCTGGCT  
GCACAGTTCTGGACACACACAGCACTGCGCAGGAGTGAGCACCGCTGCAT  
GCAAGTGGAGCATTGCAAACACGGGACGTTGCATGGGGGTGTTGCATGGG  
GGTGTGCAATGGGGTGATGCACAGCCGGTCATTGCATGAGACGCTGCAC  
GGGGATGTTGCAAAGGGAACATGCATGGGGACATCGCACAGCAGGTTGAAT  
GGGATGTTGCATGGGGACTTTGCAAGGGAACCTTGCACAGAGCATTGCAG  
GGGATCCACGCAAGGAATTTGCATAGGGAATGCACAGAGATGTTGCCTGG  
GAATGCTGCATGGGGTCATTGCATGAGGAACTGAGAGAGACATTGCACAA  
GGAAATGCAAAGGGGCATCACTAGGGGACATGGCATGGGGCATTCTAGGG  
AGCATTGCATGGGGACATTGCAAAGGGAATGCAAAGGGACATTGCATGGG  
GACATTGCAACAAATTGAGTGGGAGATTGCACCGGGATGTTGCATGGGG  
ACATTGCATGGAATGTCCACCAACCACCCTGCAGGGTGACACTGGGACC  
ATCCCCAGCTCTGACCATCCCCCTTTGCTGCAGCACCACCCAGGTCCG  
CATCGTCCCCATCCCCATCTCCAACGACCCCGACACCGTCCACCTCATCT  
GCCATGTTTGGGGCTTCTACCCACCCGCGAGTGACCATCCAGTGGCTGCAC  
AACGGCCTCGTGGTGGCCTCAGGTGACACCAAACCTGCTGCCAACGGGGA  
CTGGACCTACAGGACACAGGTGGCCCTGAGGGCCAGCACTGCAGCAGGGA  
GCACCTACACATGCTCAGTGTGGCACTCCAGCCTGGAGCAGCCGCTGCAG  
GAGGACTGGAGTGAGTTTGGGGATGGGGATGTGGCACCCACACCCACAG  
TCCCCCACGGCTCATTGTGCCACGCTGTCCCCACAGGTCCCAATTTGTC  
CCCGCGATGATGGTGAAGGTGGCAGTGGCGGCCATGGCGCTGACGTTGG  
GGTGGTGGCACTCAGCGCCGGGGTTTTAGCTTCTGTGACCGGCCACGG  
GGTGAGGGATGGGGATGTGGTGGTGGGGACATGTGTGACACCGAGGGTCT  
GGTGTCCAGTGTGGGGTGATACCTCCTCATTGCATCATCTTCTGTGTGGCAG  
CTCCTGGCGCTGGTCCCAGTCCCCGTCTGATCGGGGTTCTCACTCCAAT  
CCTGGTCCCCAAATGATCCCGGTCCAAGTTCTGGTCCCCATCCCAGTCC  
TGGTCCCCATTCTGGTCTTGGTCTTGGTCTTGGTCTTGGTCTTGGTCTT  
ATCCCTGACTCTGGTCCCGGTCCCCATCCCGATGCCAGTCCCAGTCTTGG  
TCCCCATCCTGGTCTTGGTCTTGGTCTTGGTCTTGGTCTTGGTCTTGGT  
CCCATGTCCCAACATGGGGACCCACAGTTTGGGGTGAGGGGCTCTCAGCC  
CCCAATAAAACCATCTGCAGCCCCAACCTCGCTCCAATTCTTCGTTCCCA  
CGTTGGGTGGGTGGGCTCCAGTGCTCCAGTGCTCCAGCCGTCTATG  
TCCCGTAAGCGTCGGCTCCACTGCATTCTGCTCCGAAACAGATGACGCT  
ACCACGGCGCGCCTCTGATTGGCTGCTCCGTGCCCTCTCTCCGTCCCAC  
GTCCGTGAAGGGGGGGATGTGGGGTGAGGGGAGCTGAGGGGGCCGCCCT  
TCCCCCCCCCGCTCCCCCTCCGCGATGTTGGTGCTATTGGGGCTGCTGC  
TGGGAGCGCGGGGGGCAGGTGGGGGTTGGGGTTGGGGTGTGGGGGGT  
CTCTGCCTAATGAAACTCTGGGGGGGGGGGACGTGGGGGTCTCTGCTTTA  
TGGGACTGTGTGGGCGGGCTTGAAGGGGCTCTGCTTTACGGCGCTGGGTG  
TGGGTTCTGGGAAGACTGTGCTCTATGGGATCATGGTAGGGGCTTGGGGG  
GGCTCTGCTTAATGGCACTGTGTGGAGGGACATTGGGGGTCTCAGCCTTA  
TAGGACGTGGGGATGATTTGTGGGGGTCTCAGCCTTTGCAATATTGAGG  
ACACTCTGGGTGGTGGTCTGAGCCCTTAGGGCCCCCAGGGAGGGCTTTAG  
GCTGGGCTCAGCCTTTTGGGATACTGGGGTCTTTTGGGGGAGGGTCTC  
AAGTTTATGGGATGTTGCAAAGAGTTTGGAGGGGGTCTCAGCTCTGAGGG  
ATATTGGGGACAATTGGGGGATCTCAGCCCTTTGGAACCTCAATGGAGGA  
TTTGGAGTGATGCTGAGGACTCAGCCTTTTGGGTTGCTGGGTATGATTT  
GGGGATGCTCAGCCTTATGGAATGGTGGGGACACTTTGTGGGGAGCTCAG  
CTCTGTGGGATATTGGGGCCACTTTGGGGGAGTCTCAACCTTTAGGACTC  
CCAGGGAGGGG

FIGURE 10

SUIITE 51

89/110

E1REV.txt

GATGTTATGTCCCCATGGGGACCTCTGGGGGCTCCAAATGGGGATGAGGT  
CGCTGCCAGCACTGCCATCTCCCCTCTGTCCCCCAATGCAGGTGCCTTC  
ATGGTGCATGTGGCCAACTCCTGCTCACTGGCAGCCAATGGCTCTCTGCG  
GGGCTTCGACCTCACCGTGGCCTTCAACAAGAACCCTCTGGTGTGCTACG  
ACCCCGATGGCCACCTCTTCAACGCCTGCGACTGGGGGCTGCTGCACGGC  
GTGGCTGGACAGATTGCCATTGCCCTCAACAATGACAGCACCTGGGTGCA  
GCGTGCAGAGGCACGGAGACGGGCGTGCAGCAAATGGCTGCACAGTTCT  
GGGCACAGACGGCGCTGCGCAGGAGTGAGCATTGCAAATGGGGCTGTTGC  
ACGGGGCGTTGCGTGGGGATGATGTTGCATGGGGCATTGCATGGAGATGA  
TGTTGCATGGGGTGTGTCATGGGGACATTGCATGGGGCATTGCATGAAGA  
TGGTGTGTCATAGGGCGTCGCATGGGGATGTTGCATGAAGATGTGTAGCA  
ATGATGCATGGGGTGTGTCATGGGGATGTTGCATGGAGATATTGCATGG  
GGCATTGCATGGGGTGTGTCATGGAGCGTTACATGGGGTCTCAAGCAG  
GGGGATGTTGCATGGAAAAGTTGCATGGAAAATTGCACAGAGGTGTTGCA  
AAGCATATGCATGGGGATGTTGTATGGAGGATTGGACGGTGGCTTTGAAG  
AACATTCTGCATGGGGCATTGCTTAAGGGTCCCAAGCATGGGGATGCTGC  
AAGGAAATGCTGCTGCTTGGTGGCCTTGCAGAGTGTGTTGCATGGAGTTT  
GCTTCAAGGAGATGTTGCATGGCATATCATCTGCAGTTTTGCAGAGCACA  
TTGCATTGCACATTGCACACTGCACAGAGCAGTGCCTGGGCATCTCCCA  
GCGTGTGGCACAACGCTGTTGCAAAGGACATCCCACGAGGTGTTGCAGCA  
ACAATGCGCAGAGCTTGCACAGAACGTGGGATATCCCATGGGGATGTGG  
CACAGAGCATTGGCGTGGGGAATCCTACAGGGAAGTGAGATGGGGAAGTTG  
CACAGAGCGTTGCAAGGGGTATTGCACAGAGGGAACCTGCAGAGAATGGG  
GCAGGAACCGTCCCCATCCCCTGCTGCTCACCATCCCTGTCCCCACTCCA  
GCTCAGCCCCAGGTCCGCATCGTCCCCGCACAGACAGGGAACCCAGCGT  
GCCCATCCGCCTCACCTGCCACGTGTGGGGCTTCTACCCCCCGAGGTGA  
CCATCATCTGGCTGCACAATGGGGACATCGTGGGACCTGGAGACCACTCA  
CCCATGTTTGGCATCCCCAATGGGAACTGGACCTACCAGACACAGGTGGC  
CCTCTCGGTGGCCCCAGAGGTGGGGGACACCTACACGTGCTCGGTGCAGC  
ATGCTAGCTTGGAGGAGCCCCTCCTGGAGGACTGGCGTGAGTTGGGATCA  
AGGGGTGTGACACAGGGACAGCGGTGTCCTGTGTCACTGCTGGCTGT  
GTCCCTGCAGGTCTGGGCTGACGCTGGAGGTGACGCTGATGGTGGCTGT  
GGCCACTGTAGTGATGGTGTGGGGCTCAGCTTGTCTTCTATTGGTGTCT  
ACTGCTGGCGGGCCCAACCCCTGCCCCAGGTGGGTGCTTGAGAGGGACC  
CTATGGGGCTCCATGGACCTCTAAGGGGTCTCTGTCTGGTTCCTATGGGT  
CTCTGGGTGCTGTGAATCTTTCTTTCTCTGTGGGTCCGTCTGGGTAT  
CTGTTGATCCCTATGGGTGCTGTGGGGCCTCTGTGGGTCTCTATGGGTCT  
CTTCTGTTGGCCTCTGTGAGGTCTCTATTGTCTCTATGCATCCCTTTGG  
ATCTCTATGGGGTCTCTGCGGGTCATTACGTGTCTCTATGGGATGTGACC  
ATTTTTGACAAGAACCCCACTCACCCCTCCTATTCCCCAACAGGTTACG  
CCCCGCTTCCCGGTCAAACTACCCTTCAGGTAACAGTGTCCCCAACTG  
TCCCTGTCCCCATTGCCATCAATGAGGGCTGAGTGACCCCATCTCTCACC  
CCATGTCCCTGCAGGCAGCATCTGATGGACACCTTCTGTCCCAACTGTC  
CCTGCGTGTCCCCATCCCTGACTCTGCGCCGTGGTGCTGACATTAAAGAC  
ACTCTGCAGCCTCTGTTGGTGTCTCTGTGGGCTTTTGGGGTGGGGTGGTG  
TCACCGGGGAGAGGTTGGGTGGGGTCATTGCATCCATGATGGTGATGGT  
GATTGACATTGTGCACAGGGAGATGTCCAGGCGCCTGTGGGGTCTGTGTT  
TTAGGGCCAGTTCTGCTCAGTGCCTCCGTAAGTGATCTGGATAGGTCTGTC  
AGTCATCCTAATTAAGGAGGGGACAACAGTGAATGGGGAGGAGCCGATGA  
CTCAGGCTGGGAGTGGTGATCCCAGAGGTTTCCTCTGCTGTCAGTGACTC  
CGTGCTTTTCGCTTTCGCTTCAACCTGAGGGAGCGCATCTGCCTGGCG  
CCCGATGACGTCACATAAACCCCGACTGCCATTGGCGGAGAGGCGACGG  
AGGAGCCAATGGGGGCGCGGGGCGGGGCGGAGGAGTAGGAAAAGCTGAAG  
GAGCTGCGCTGGGTGGGGCGGACTTGAGAGTGCAGCGGTGTGAGGCGATG

FIGURE 10

SUITE 52

90/110

E1REV.txt

GGGCCGTGCGGGGCGCTGGGCCCTGGGGCTGCTGCTCGCCGCCGTGTGCGG  
 GCGGGCGGCCGGTGAGTGCGGCCGGACCGGGACCCCTCCCCGCCGTAAC  
 CCCACCCCGGGGCTGTGCCCGTGGGATCCTCAGACCCCCACCGCGGGCTC  
 ACGGCCCTCGCTGCGCTCCGCCCCCGCAGAGCTCCATTCCCTGCGGTACGT  
 CCATACGGCGATGACGGATCCCGGCCCGGGCTGCCGTGGTTCGTGGACG  
 TGGGGTACGTGGACGGGGAACTCTTCGTGCACTACAACAGCACCGCGCGG  
 AGGTACGTGCCCCGCACCGAGTGGATGGCGGCCAACACGGACCAGCAGTA  
 CTGGGATGGACAGACGAGATCGGACAGGGCAATGAGCGGAGTGTGGAAG  
 TGAGCTTGAACACACTGCAGGAACGATAACAACAGACCGGCGGTGAGCAC  
 GGCCGGGGCCGCGGCTCCGTGGGTGTGGGATGGGCTCCATGGCGCAGTGC  
 CGCCACACCCCCAGGCCTGGCCCTGCCCGCGGCACCGTCCCGGGGCT  
 GCGCGTCACAGCCCCACCGCGCTCGGGGTGCCGCGTCCCGGGGGACCCC  
 AACCCATCCCCGCTGCAGTGGGAGCCCCGGAGCCGGAGGGGCCCCCTCACC  
 CCCTGCCCGGCTGTGTTTCAGGGTCTCACACGGTGCAGCTGATGTACGGC  
 TGTGACATCCTCGAGGATGGCACCATCCGGGGGTATCATCAGACAGCCTA  
 CGATGGGAGAGACTTCATTGCCTTCGACAAAGGCACGATGACGTTCACTG  
 CGGCAGTTCAGAGGCAGTTCACCAAGAGGAAATGGGAGGAAGGAGGT  
 GTTGCTGAGAGGTGGAAGAGTTACCTGGAGGAAACCTGCGTGGAGGGGCT  
 GCGGAGATATGTGGAATACGGGAAGGCTGAGCTGGGCAGGAGAGGTGAGC  
 GGGTCGGGGTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGCGGACGAGTGTGGGGCTGGACGT  
 GGGCGGGGGCTCATCGTGGGAGCTCAGCCCGGCCCTACTGCCGCCCA  
 CCCACAGAGCGGCCTGAGGTGCGAGTGTGGGGGAAGGAGGCTGACGGGAT  
 CCTGACCTTGTCCTGCCGCGCTCACGGCTTCTACCCGCGGCCCATCGCCG  
 TCAGCTGGCTGAAGGACGGCGCGGTGCGGGGCCAGGACGCCAGTCGGGG  
 GGCATCGTGCCCAACGGCGACGGCACCTACCACACCTGGGTACCATCGA  
 TGCGCAGCCGGGGGACGGGGACAAGTACCAAGTGCCGCGTGGAGCACGCCA  
 GCCTGCCCCAGCCCCGGCCTCTACTCGTGGGGTGAAGTGGGGGATGTGGGG  
 CTGGGGGGGCTGCGGGCTGCCCCCTTCCCTGCTGATGGCCCCGCTCTCCCC  
 CAGAGCCGCCACAGCCCAACCTGGTGCCCATCGTGGCGGGGGTGGCCGTC  
 GCCATTGTGGCCATCGCCATCGTGGTTGGTGTGGATTATCATCTACAG  
 ACGCCACGCAGGTAAAGCAGAGGGGTGAGGCGGGCAGTGGGGGCTGTA  
 GGGGGATCTGGGTCCCCCTTGGGAGCCCCCAACCTGGCTGTGATGTGAAC  
 CTGTGATGAAGCATCTCTGTCTGTCAGGGAAGAAGGGGAAGGGCTACAA  
 CATCGCGCCCGGTGAGTGATGAGGGCAGCGCTGTCCCCACCTCTGCCCA  
 GTGCCAGGGTGGTCCCTGGGGTCCCTGCTTTCTCCAAGGTACCATTCCT  
 GGTGCTTGGGGCTGCTCCATGCCCCATAGGGAGCACAGGGCTGGATCTCA  
 CAGCTGTTCCCTTATAGACAGGGAAGGTGGATCCAGCAGCTCGAGCA  
 CAGGTGCGGTGTGGGGCTGTGGGTGAGGGGGTCCGTGTGCTCTCTGTG  
 GTACTGCCCAGGGCTGGGCTATGCTGGGGCTCTGCGGGGAGACCCCCGGA  
 GCAGAGGGTTGGGATGTGAACCTGGCCCCGTGGGACATCATCCCTTCTCA  
 TCCCCACAGGGAGCAACCCCGCCATCTGAGTGCTGTGCTTCAGCCTGCAA  
 GGAGCCAACAGTCCACACCAGCATTGGGGTGGGTGATGGACACAGCCCC  
 ATCCTCCTGACCTCTCACATCTCATTCTGCTTCCCTATGCTGACTGTTATG  
 CTTTGCTGCACTGCTTCTGTGAAATAAAATGATGGGCCATTCTGTGCT  
 CAGCTTGCTGCACTTCTGCACTGTGCTGTGGTTGGGGATGGGGTGGGTGA  
 GAGGACCGTGTCCAGTTTGGCTGCTCAGGGTGCAGATGTGGCCCTGTGC  
 TGAGTACCCACAGCCCTCCCCCCTATCTGCCTGCTGCTCACTCCCCCTT  
 CTGTACCCCCATCCCTTCTCACCTCTCCTCTGTGACCCCATGCTGGTGGT  
 TGCTTGCTCCCTGTCTGGCAGAACTCTCATTTTCCCAATGGCATCCCTG  
 GGTGTTGGGATGTGGTCTCCTTGGTCCCTCCCCCAGCAGTCACTGCACAT  
 ATCCCCCACTTCCCCCAGGTTGTTGTCACAGCACTCCTATTTC  
 CTCTCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCGCCCATCCAGCTGCCTCTGCAATC  
 CTCACCTTGCCACACACAACTTTGCGCACTCCACCTCCCTCATCCCGC  
 CCTTCCCCCAGCTCTCCTGTCCCTGCTGGCCCCCTCCCCCCCCCATT  
 GTACCTA

FIGURE 10  
SUIITE 53

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

91/110

E1REV.txt

[illegible]

FIGURE 10

SUITE 54

E1REV.txt

[illegible]

FIGURE 10

SUITE 55

93/110  
ElREV.txt

GTGGGGACTGTGAGGGGGCTGGAGGGATCTGATGGGGACTGGAGGGGTTT  
GGTGATCGCTGTTGTGTGCTCCAGGCTGGGCTGTGGGGAGCCGACTGGA  
AGTGGGGGCCGTTCTAAAAGCACTGCTGTGTGTTCCAGGTGCTGAGGGGA  
GCTGAGGACCTGCACCAGGAGCACCCCGGGGAGCCACCTGGTCCAGCTG  
TGCACCAGAAGCTCTGGGGATCCCCACCCACAGCCATGGCGATGCCGCC  
CTACATTCTGCGCCTGTATGCACGCTGCTCCTGGCCGACCTGGCCCTCA  
TGTTGGCCCTGGCCCACTTCTTCCCAGCACTGGCCCATTTGGGCTGGGTG  
GGCTCCTGGCTGGAGGCCGGGCTGCGCCTCCTGGTGCTGGGGGGGGCCGG  
GCAGCTGCTGGCCCCCAGGGGACCCCGTGGGGCTGCAGTGCTGCTGAGCC  
TGGGCCCCGCCATCTTCTGACCCACGGGGCTATGTAGGTCTGCCTGGA  
GCTGCCCCGGTGCTGCTGGCCATGGCAACGCCGTCTGGCTGGTGCTGAC  
CCACGGGACAGCTGTGGTGCCATTGCTCACCTGGAGCCTCCTGGTCCCCA  
CTGTGGCCACTGGGGCAAAGGAGGCAGAGGCCTGGGTGCCCTGAGGCGG  
CTGCTGGCCCTCGCCTGGCCCGAGTGGCCCTTCTTGGCTGTGCCTTCTT  
CTTCTCGCATTGGCTGCACTGGGTGAGACCTCAGTGCCCTACTGCACCG  
GGAGGGCTCTGGATGTCCTCCGCCAGGGGGACGGCCTCGCCGCCTTACC  
GCTGCTGTGCGCCTCATGTGCCTGGCCTCTGCCAGCAGGTAGGGACCCCA  
CATCCCTCCACAAAACCCCATCCACCTCTGGTGGTCTGCTGGTGGGTTTG  
GGGGTCTCTGTCCATATCTGGGGGTCTATCTGATGGGTTCTGGGCACTCCA  
CTGACCCTTTGTGATTGTCTGAAGGGTTCTGGGCTCTCCATTGACCCCTG  
ATGGGTTTTGGAGTCGCCCCCAATTCTTCCCAGCTCGCTGTTTGCCG  
GCTGCCGCGGTGGCCTCTTACCTTCATCAGGTTCCGCTTCATCTTGCGC  
ACCCGCGACCACTCTTCTCCAGCCTGGTGTAACGGGACCTCGCCTTCTT  
CCAGAAGACCACAGCAGGTACAGACTGGGGGCACTTTTGTCCCTGTCCCC  
ACACCATACCCCCAGCTCACCTACTCAACTCCACAGCTGAGTTGGCCTC  
CCGGCTGACCACCGATGTGACGCTGGCAAGCAACGTGTTGGCACTCAATA  
TCAACGTCTGCTGAGGAACCTGGGGCAGGTGCTGGGGCTCTGCGCCTTC  
ATGCTGGGGCTGTCCCCGCGCTGACAATGCTGGCACTGCTTGAAGTGCC  
GCTCGCCGTACCCGCACGGAAAGTCTATGACACCCGGCACCAGGTGATAG  
CAGGGATGGGATGGTAGGGTTGGGGTGACAGGGATGGAGGCAATGGCAAT  
GGGATGGGAACAGTGGGAGTGGGGATAGTGAGGTGGGGATTGTGGGGTCA  
GGGTGGCAGGGATGAGGGCAGCTGCAATGGGATGGGAACAGTGGGAATGG  
GGAGAGCAGGATGGGGATCATGGGTCCAACACAGCAAGGATGAGAGGATG  
GAGAAGAGTGGAGCAGGAATGGAAGTGGGATGGCGAGTACTTGGCCATCC  
CATGGGTGCTGACACCCACTGTCCCCCAGATGCTGCAGCGGGCCGTGC  
TGGATGCAGCAGCCGACACCGGAGCGGCAGTGCAGGAGTCCATCTCTTCC  
ATTGAGATGGTACGGGTCTTCAATGGCGAGGAGGAGGAGGAGCACCCTA  
CAGCCAGGTGCTGGACAGGACCCTACGGCTGCGGGACCAGCGGGACACAG  
AGAGGGCCATTTTTCTCCTCATCCAGCGGGTGAGGCTGACACGAGGGGAC  
ACCCTGGTGTCTGGGTGGGATCGGGACATCCCCGTGAGCCCCATCCCCA  
CAGGTGCTGCAGTTGGCCGTGCAGGCACTGGTGCTGTACTGTGGGCACCA  
GCAGCTCCACGAGGGGACCCTCACTGCCGGCGGCCCTCGTTGCCTTCATCC  
TCTACCAGACTAAAGCTGGCAGCTGCGTGCAAGGTGAGGTGAGGCAAGTGC  
TCCTCTGCCACCGGATCCCCATGACTGTGGCCACATCCCCGTGTCCCCAC  
CCTGGGTGCTGTGCCTGGGGGTACATCCCCATGTCCCTATCCTGGGTGC  
TGTGCCATGCAGGCACTGGCGTACTCCTATGGTGACCTTCTGAGCAATGC  
AGCGGCCGCTGCAAGGTCTTTGATTACCTGAACTGGGAGCGAGCTGTGG  
GTGCTGGTGGCACCTACGTGCCACCAGACTGCGAGGCCACGTACCTTC  
CATCGGGTGTCTTTCGCTATCCCACTCGCCCTGAGCGCCTCGTCTCTGCA  
AGATGTACCTTCGAGCTGCGCCCCGGTGAGGTGACGGCGTTGGCGGGGC  
TGAATGGCAGCGGGAAGAGCACCTGCGTGGAAGTGGTGGAGAGATTCTAT  
GAACCTGGGGCCGGGGAAGTGTGCTGGACGGGGTGCCGCTGCGGGACTA  
CGAGCACCGCTACCTGCACCGCCAGGTGAGGGGGTGGGGGAGATGTGGC  
TGCACTGAGCAGTGCTGGGGCTGAGCCTCTGCCCTGGGGCAGGTGGCACT  
GGTGGGGCAGGAACCCGTGCTCTTCTGCTGGCTCCATTGGGATAACATTG

FIGURE 10

SUITE 56

[illegible]

95/110

E1REV.txt

TTATTTACAGGAAGCAGTGCAGGCAAAGCATAACAGTCAGCATAGGAAG  
CAGAATGAGATGTGAGAGGTCAAGAGGATGGGGCTGTGCCCATCACTGAC  
CCCAAATGCTGGTGTGGACTGTTGGCTCCTTGCAGGCTGAAGCACAGCAC  
TCAGATGGCGGGGTGCTCCCTGTGGGGATGAGAAGGGATGATGTCCCAC  
GGGGCCAGGTTACATCCCAACCCTCTGCTCCGGGGGTCTCCCCGCAGAG  
CCCCAGCATAGCCCAGCCCTGGGCAGTACCACAGAGAGCACACGGACCCC  
TCCCAACCCACAGCCCCACACCGCACCTGTGCTCGAGCTGCTGGATCCAC  
CTTCCCTGTCTATAAGGGAGGAACAGCTGTGAGATCCAGCCCTGTGCTCC  
CTATGGGGCGTGGAGCAGCCCCAAGCACCAGGAATGGGTACCCTGGGAGA  
AAGTGCAGACCCCAGGACCGCCCTGGCACTGGGCAGAGGTGGGGGACAGC  
GCTGCCCTCATCACTACCGGGCGCGATGTTGTAGCCCTTCCCCTTCTTC  
CCTGCAGACAGAGAGATGCTTCAGCACAGGTTACATCACAGCCAGGCTG  
AGGGCTCCCAAGGGGGACCCAGATCCCCCACTGCCCGCTGCACCCCTC  
TGCTTTTACCTGCATGGCGTCTGTAGATGATGAATCCAACACCAACCATG  
ATGGCAATGGCCACAATGGCGACGGCCACCCCGCCACGATGGGCACCAG  
GTTGGGCTGTGGCGGCTCTGGGGGAGAGCGGGGCCATCAGCAGGGGAAGG  
GGCAGCCCGCAGCCCCCAGCCCCACATCCCCTCACTACCCACAGAGTA  
GAGGCGGGGCTGGGGCAGGCTGGCGTGTCCACGCGGCACTGGTACTTGT  
CCCGCTCCCCGGCTGCGCATCGATGGTGACCCAGGTGTGGTAGGTGCCG  
TCGCGGTTGGGCACGATGCCCCCGAGTGGGCGTCTGGCCCCGACCGC  
GCCGTCTTCAGCCAGCTGACAACGATGGGCCGCGGGTAGAAGCCGTGAG  
CGCGGCAGGACAAGGTGAGGATCCCGTCGGCCTCCTTCCCCACACTCGC  
ACCTCGGGCCGCTCTGCGGGCGGGCGGCAGTGAGGGCCGGGCTGAGCTCC  
CCACGCTGAGCCCCCGCCCCACGTCCAGCCCCACACTGCAGCCGCTCCCC  
CCCCACCCCGCTCACCTCTCCTGCCAGCTCAGCCTTCCCGTATTCCAC  
GTATCTCCGCAGCCACTCCACGCAGGTTTCTCCAGGTAATTCTTCCACC  
TCTCAGGTTCACTCTCTTCCCTCCCATTTCTCTTGGTGGGAAGTGCCTCT  
GGAAGTGCCGCAAGTGAACGTGATCGTGCCCTTGTGCAAGGCAGTGAAGTC  
TCTCCCATCGTAGGCCATCTGATAATAACCCCGATGGGGCCGCCCTCGA  
GGATGTACAGCCGTACATCCACTGCACCGTGTGAGACCCTGAAACACAG  
CCGGGCAGGGGGTGAGGGGGCCCTCCGGCTCCGGGGCTCCCACTGCAGCG  
GGGATGGGTGAGGGTCCCCCGGGACGCGGCACCCGAGCGCGGTGGGGC  
TGTGACGGGCAGCCCCGGGACGGTGCCGCGGGCAGGGCCAGGCCTGGGG  
GGTGTGGGCGGCACTGCGCCATGGAGCCCATCCACACCCACGGAGCCGC  
GGCCCCGGCGGTGCTCACCGCCGGTCTGGTTGTAGCGCCGCTGCAGTATG  
CCCAGGTTCTCGCGGTCAATCTGCTCATTGCCCTGTCCGATCTGCGTCTG  
TCCATCCCAGTACTGCTGGTCCGCCTTGGCCGCTATCCACTCGGTGCGGG  
GCAGTACCTCCGCGCGGTGCTGTTGTAGTGACGAAGAGTTCCCGTCC  
ACGTACCCACAGTACGAACACGGCTGCCCGGGGCCGGGATCCGTGAT  
CGCCGTTTGGATGTACCGCAGGGTATGGAGCTCTGCGGGGACGGAGACA  
GCGGGGCCGTGAGCCGCGGGTGTGGGTCTGAGGATCCCACGGACACAGCC  
CCGGGGTGGGGTTACGGGCGGGGAGGGGTCCCGGTCCGGCCGCACTCACC  
GGCCGCCGCCCCGCACACGGCGGGCAGCAGCCCCAGGGCCAGCGCCC  
CGCACGGCCCCATCGCCTCGCACCGCTGCACTCTCAAGTCCGCCGCACCC  
AGCGCAGCTCCTTCAGCTTTTCTTACTCCTCCGCCCCGCCCCGCGCCCC  
ATTGGCTCCTCCGTGCGCTCTCCGCCAATGGTAGTTGGAGTTTATGTGA  
CGTCATCGGGCGCCAGGCAGAATGCGCTCCCTCAGGTTGTGAAGCGAAAG  
CGAAAGCGCGGAGCGGGGGAGGGGATGGGCGCGGTGTGGGAACCCCGGC  
CCTTCGAGCACGGGGGGGACCCGGGCTGTGTTGCGACGGGGCCGCGTCC  
TTACCCCGGGGGAGGGGGCCGAGGGTCTCTGCCGGGAGGACGGGGCCGT  
GAGAAGAGGAGGAGTCAATTCTCCATTCCAGTCAAGGAACTGTTTGGGGGG  
GGGGTCACATCCATAGGGTTAGAGGCTCCGTGTCCGGGGGGGAGGGGGTG  
GTGACAGTGGTGTCCCCAGGGCTTCTTTGGGATCAGTGCCATTTCCCC  
ACAGCGCCGCCCCACACCGCTTCCCCACATCCACGTGGTCCATCTGAGGT  
CGATGCCCTCAGGGTCTGCAGGTGGACCCCAATGTCCACCCCCCAAGTTA

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUIITE 58



ATGATTGACCCCAACCCCGCTGTCCCTGCGCCACTGCTCCCATCTGCCCC  
ACACTGCCGGAGCCATGGGGCCTCACTGGGCCTTCAGCCTCTTCCTCCTC  
CTCTTCCTCACTCCCTTAATGAGGGCCAGCTCCCAGGACCCTGAGTATGG  
GGCTATGGGGTGTTTGTGGGGTAGCTATGGGACTATGAATGTTCTGCAGT  
GCCTATGAGGGACTATGGGGCACTGGTGGGGCTGGGGGCTGCTATAGGAT  
TGGGGTGTGATGGAGTCTGGGGGGACTAAGGGAGATTTCTGTGTGGTTGG  
GTGGGGTTATGGGGCCAGAGCTGGGGGGATTCTATGGACCTAAGGGGTG  
TCTGGATGCTTATGGGATCTGGGAGGGCTTATGGAGCAGTTATGGGGCTG  
GTGGCTCAAGCAGTGTTCCTCAGGTTGGTGTGGTGGCCCCCGGCGCG  
TGGCCTTGGGGACCCCATGGGGCTGTTGCTGGCAGCTGTGGGGCCGGTG  
ACCGGGACGGTGACTGCATGGGCTGAGGGGGACCGTGGGGCTGGGGCCTG  
CACCTTCCAGTCCCATTGCCCCTCACACCCACAACAACCTCAACCAGC  
TCCTACAAATTGAGGTATGGGGACACCGGGGGATATGGGGACACTGGGGG  
ATGTCTCTGGGGTGAGGGGGTTGGGGACACCCCTGTGGCACACAGGGAT  
GTGTGCACCCTTGGGTCCCCTCCTGCCATGTACCCATGTACCTCACAT  
CTCCTTCCCCAGAGTTCCCCCATGTCCCCATAACCCAAACACCTCCTGC  
TGTGTTCCCATGTCCCTTATAGGTACCCCAAGTGCAGGCAGAGCGCTGTG  
GGGCGCTGTGGGGTTCGGGGGTTGCTCCTGGAGGCCACAGCTCCCATCTG  
CCCCCCCCCAGTACCAGGAGTCTGAGTGTGGCCCTGGGGGGGCGCGGGG  
TCACCTCATTGTGCAGACAGACAAACCTCTACGCCCCCGACAGACTG  
GTGAGTGTCCACGTCCACCCTAAAGCCATCCCTCATCTGCCACAGTTC  
TCCCCCAGTGCCCCAAATGCTCCAATTCCCCTAAATCAACCCAAAATT  
CTCCCCAAAGCCCCCTCCAAATCTACCATGAATTCCCCAAATCCACCCATT  
TTCACCTACATTACCCATTTACCCCAAATTCACCCCCAGCACACCCCA  
AATACCCCTGGTCACCCAAAGTCCCCCAAATCCCCTTCAAATTCCTAAA  
TCCATAACCCCATCTGTCCCCATGTGTCCCTTTGTCCCCAGTGCGTTTC  
CGGGTCTTCTCCATGGACCCCGACCTACAGCCGAACCCCGAACCTGTCTC  
GGTCACCATCACGGTATGGGCCCTATAGGGCTGGGGCTGTGGGTGACCCT  
GTGGGGTTTGGGTGACCCTACAAGGCTGTGTACCCCATGTACCCCAAGA  
ACCCGTTGGGTGCACGAGTGCAGGGAGGTGCAGCGGGTGGCCCTGGACACG  
GTGCTGAGCGACCACTGGTGTGCTGCCTGACATCGCCCTGTGAGTGGGGCT  
ATAGGGGGCTACAGAGGGCTGTGGGGTGCAGAGGGGGCTATGGGGACTG  
GGGACTATGGGGATTTGGGGCTACAGGGGGCTGCAGGCGGGCTAGAGTAGT  
GGGGGGGATTATAGGGTTACTGGGGCATTACAGTGGCCATAGAAGCTATA  
GAGGGCTGTGGAGAACTATAGGATACCTTAGGGGCCATAGGGGTCTACAG  
GGGTTATAGGTGAGCATGGGGAAACATAAGGGCCATAGCGACTCCGGAGG  
GCTGTAGCACACCATAGGGGCCATAAGGGCCCTGGAGGGCTCTAGAGGAC  
CACAGAGGTGTATGGGAGGGGGCTATAGGGGACTATAGGGTATAT

FIGURE 10

SUITE 59

97/110

E52FOR.txt

ACATGGGAACACATGAGGACAGGGAGAACTGCAGGGACACAGGGACACT  
TGGGGGATAGGGGGATGGTAGTGATGCATGGGGGGGGGCACATGGGGATG  
TGTTGGGGCACACTGGGATGTGTGGGGATATGGGGACACATGGGGAATAT  
GGGGATGAGTGGGGACATATGGTTATTATAGGGATGTATGGAGACATTGG  
GACACATGCAGAGGAGGGGACAAATGGGGACACACTGGGGGACAGATAGG  
GACATGGGGACACCCAGGGAGGGACACCCCAAGTTCCCCCTTACCGGCGG  
CAGTGATGGTTCCTTCTGTGCCCATCCCCCCTGCAGCAGCGCAGTGACA  
CCGTACTGCGGGGTCCCCACCGCCGCCACCCACCACTGCCCCCGCGGT  
TGGGGGGCTGCGGGCGTCGGGGTGCAGAGGGCGGCTCCATGGGTCAGAGC  
CGGTCTGGGGGTTCGTGGGGTTCAGTTCGCAGCTGGGGGGAGTCCGGGGG  
GGGACCCGAGTGGGGTCAGAGTCCCCAGGGGTCTGCGAGGGAGAGAGG  
AGTGAGAGGGATGAAGGGTCTGAGGGCATGGGGTTGGGAGGGGTGTGGG  
GCGTAATGGGGTCATTTGGGGTTAATGGGGACACTGGGGACAGTTTGGG  
AGCTATTGGGGCTAATGGGGTCTCTGGGGGACATGGAGGGGACATTGGGG  
ACATTTGGGGTGTAAT

FIGURE 10  
SUITE 60

98/110  
E52REV.txt

TGGCTGATGGGCTGTGTCTATGAGCGCAAAACACCACAATGGGCAGAAA  
AACCTTCTCCAGAGGACCAACCCCATCTCTATGGCTTCTTTGCACCTGG  
CCTTGCCCAAAATTGGGTTATTTTTGAGAAAAAAATGGGCCATTTCTCTG  
CTGGTTGTCCAAGCAGCAAGAGATGCTGGCATGAGTCTCACCAAGCCAAG  
AGGTCTGTGGGACCAAGAGAACTCTTTCTCTCCCATTAATGATGAGTAA  
CTCCACCTTTGGGCACTCTTAAGGTGAAAATCCTCAAAATCTGCAATTTT  
GAAGGCGCAGCTCCCACATTTCTCATCCCCTTTGTTCTGTCCATGGCAGT  
GCAGGCATTCCAGCCCCATCCCCAGCCCTGTGCTCAGTGTCCCTTCGACT  
GGATTGGATTGAGAGGAAAATGCTACTACTTTTCAGAGGATGAGAGCAAT  
TGGACGAGCAGCCAGAACAACTGCTCTGCTCTTGGTGCTTCCTTGGCTGT  
GTTTGACAGCGCTGAGGACTTGGTGAGGGGGACACAAAAGAGCCACCAAT  
GTATTTTGTCCGCTTGAGGGCCCCCTTGGCTGCTCTTTCAGTGTTTCCTTT  
CTGATTTTGGGGTGAGGAGGTGGATAATGGTTGTCTGAGGGTAGGTTGG  
GTCTACTCCTCAAATTCTTCAAGGGATTTAAGGGAAAAAAAGATGTTT  
TTTCTATGAAGTAACCACGCTGGCTTAGAGACTGTGAGCTTTGGTGATGG  
ATTGGGCAGTTTCAAGCACTGAGATTATTGGTTGAAAGGGTTCTGCAGGC  
AGTGGCATGCAGGAAATGTCCAGAGCCCCATGATCTGTTCCCTCTCCTC  
TTTTCCAGAGCTTCACAATGAGACACAAAGGCAGCTCCCCCACTGGGTT  
GGCCTCTCCCGGAAGGCAAAGAGCATCCATGGGAATGGGTGAACCGCTC  
TCCTTTGTCTCACCTGTGAGTTCCCATCCTTGTCTTGGAGGCTGCAGCTT  
CTCCAGCCCCAAAATGTGGATTCTGGACCTCGGGAGCATTCTGGAGGT  
GGCTTATGGGGTGAGGAGATGTGGGGAAGGCACTTCGCACCGCTTTGGGT  
CATAGAAGTTCATTGAGAGGCAGAAGTGGCGCAGGAAAAAGAGATTCCTA  
TTTAATCAATTATTTTGTCTGTTTGATTTACCACTGTGATTTCTCTTC  
CCCCCCCCCAMAACCTGGGGTCTGCCTGTCCGTCTGTCTGTCCATCCA  
GGTTCCAGGTGCAAGGCGATGGTCTCTGTGCATACCTGGGGGATGCCGGG  
CTCAGCTCCTCCCACTGCAGCACGCGGAGGAATTGGGTTTGCACCAAACC  
CGCGTTGCAAAAACCGAGGAAGAACTTCTGCATCAGCACCTGAGCGGCTC  
CCGGACCCGAACACGCGATGCAAGAGGAGGAACCCAAAGCAAAGAGCTC  
CGCTTTCAGCTGTGCTCAGTAGCAACAGGAGGGCGGTGCGCTCCTCCAGC  
CCAGGTCCGACAGTGCCGCCTATGGGGCTGCGCGGACCGAAGCAAATCCC  
AGGCGGAGCTTCGGCTCCAAATTACATTTTTTTGCACCGTCTGACTCCTA  
ATGACCGCTAAAAATCCCAATTTTGGGGGCTATCCGTGCGCTGCTTGCAAC  
GACCTTCACCCCTGCGCGATGCAGCAGCAGGTTTGGGGGGCGGACGGTGG  
GAAAATATCCATTTTACCAGGTTTCTTCCAAAGGGAAATACTGGGAAA  
GCAATCAGCCCCAAGGACCCTGAAATCGATGAATAAATCGGCAAATTTAT  
TATGTTTCGTGTTTCCCTTCTGTGTCACTGCAGTGCGTTCTCCATGAAT  
TCACTTTTAACGGTGTTTTGTACAGGAAACACTTCTTCGACTCTCTCCA  
CCACTCCTATATATTCAACAGACCAATTCCTTCTGGTGATTTTATGCAAA  
AACAAAAGAGTATATTTGGTTAAAGAACCCAAACCACCTTCTGTACTGA  
AGGGAATAGAAGAGCACAGACCGCCGCTCCCCTCCCCTGCTGCCGCACA  
ACAGACGGTCCCCGAGGATGTGCAGACAACGCGACGCCGTCTGA

FIGURE 10

SUIITE 61

99/110

E6G2N15.txt

TAGNAACTAGNGGATCCCCCGGGCTGCAGCTATGGGGGAGTGGGTGCACT  
CCTTGGCCATGGCTTTGGGTCCCGTTACTCTGGAGGAATTTCCACAGCTG  
CCCCAGGAATCTTGTACATAAAAGTGCACAGATCGATCAGAGATGTCATG  
TTCCTGACAGAAGAAATCCTGTCTCTTCTGATGTTCTCTGTGAAGAGCAT  
TGCCACGAGGGAGCTACCAGCAGGGCAAGCAGAGAAATTGAAGAAAACGA  
AAGATGGGTTCGAGGTACGGGATTGGGCAGGTTTCACTTTCTTTAGCAATG  
AGACGTGTCAAGCTGGCAGCTTCCCTGGGAGCCTCTCTGGTGTGGATCTC  
CGGTGGCCCTAAACCTGGTTCAGGCACTGATCAAGGAGACATTACCCGTC  
TTGGTTCATCTCGGCTCACGG

FIGURE 10

---

SUITE 62

100/110

F12FOR.txt

CGATGGTCCTCCAATGACCTCCATGGTCATCCAGTGCTCATCCCGCGGTA  
TGGCCATGGTAACCCCATGTTACCCTGTGGTCTCACCCCAATGATGCCG  
TGGTTACCTTTTTCGTTACCCTATTCTCATCCCATATCCCCCCTTTCTGTC  
CCTCTGCCCCTTCATGATCCCCTCATGGTTAACAGACGTTTCCCTCTGCG  
ATCAGGTCATGTTTACGACACAAATTCCTCCAGGGTTCCTTTATAGTGACC  
TCACCATTACCCAATCATGTCCCCGGTGTCCCTGAAGGGGCCAGATTTC  
CTCAGTGGGACCCAGATGTCTTCAGTGGGGCGGGACCTGGCCATTCCCAA  
TGTCATCCAGGTGTCCATATGGCATGGGACACAGATGTGCACATGGGATG  
GGACCCAGGTGTCCCCACTGTTCATCCAGATGCCTCCATGGGTTGGGAAAT  
GACCATCCTCGATGTACCCAGATGCCACATGTGATGGGACGTGGCCAT  
CCTTCATGGCATCCCGATGTCCAGCTTGGGATGGGATCCCAATGTCACCC  
AATGCAATCGCAGTGTACCCAGATGTCCACAAGGGATGGCACCCAGATG  
TCCCCAGGTGCCACTCATCTGCCTCACCAACCCAGGACTTCCTCCCACTG  
CTCCCCACTGCTCCCAGTTTGCCCCCATTTCTCCC

FIGURE 10

SUITE 63

101/110

G2M13.txt

GATCTTCAGTGATTTTCAGTGGTCTTTGGTGGTCTTCAGTGCTCTTCGTT  
GGTCTTTGACAAAGATGCAGAGGAGCACCGCTCCCAGACGGACCCCCCGG  
GGACCCCATTGTGCGCCATCCCCACTGGGACATGCAGCCATTGACCACAG  
CCCTCCGGCTGCGACCACCCAAGTATTCTTATCCAAAGTCCACTCTTT  
GCACACTTACCTCCAATTTAGTGATAAGGATGTGGCGTGGGACCGTCCCA  
ATGGCCGCACACAAGTCCAGGTAGATGATATGGGATGACCATGAAGGGAT  
CACAGAGAGGAACACGGGGTGACCACGAGGAGCAACGAAGGAAACGCTGA  
GTGACCACGGGCAGAAAATGGTGTGACCATTAGGGGACAACGAGAGGGAA  
CAGAAGTAGTAAGGAGTGAGAATGGGGTGACAAAGAGGTGACCATGGCAT  
AACTTTGATAAGACCATTGGGTGACCGCAGGGTGATGGCCATACCATGGG  
GTGAGCACTGGATGACCATGGAGGTCATTGGAGGACCATCGGGTGGGACG  
AGGGCCGTGGGGACACCCGTGGGGCGGTGGGACGGGGGCAGAGTGTGAGA  
AGGAGCCCCGCGGCGCAGAACTCTGCCTGGAGACGGGTGACGCCGCCCGG  
CGCCGCCGCCGCTCATTTGGCCCTCCCCGCCCGCCCCGGGCTCGCGGCTG  
GCGCGGGGTGCCGGGTCCCCATCGTCCGGCGGCAGCAGCCATGGGGAGC  
GGGCGGTCTCCGGCGGGCGGGGGCGGTGCTGGTGGCACTGCTGGCGCTGGG  
AGCCCGCGCGGGCGCGGCACGCGGCCCTCGGGTGAGCTCGGAGCCGCGG  
CGCGGGGACGGCGCTGCGTCCCCCGGAGAAACCCCGGAGCCCTTCTG  
GCCGTGCGCAGCGCTCGGGGCTGCGGGGGGACGGAGGGCGGGGGGGGCG  
GCGGAGCCGTGGGGGGCAGCGGGGCCGGGGAGGGGGCGGGGGGGTGTGGCG  
GGGGGCGGCTGTGTGCCCTGACCGTGCCCTCTGCCCGCAGCGTTCTTCTT  
CTGCGGTGCGATATCCGAGTGCCACTACCTGAACGGCACCGAGCGGGTGA  
GGTATCTGCAAGGTACATCTACAACCGGCAGCAGTTCACGCACTTCGAC  
AGCGACGTGGGGAAATTTGTGGCCGATTACCGCTGGGTGAGCCGCAAGC  
TGAATACTGGAACAGCAACGCCGAGCTTCTGGAGAACCGAATGAATGAAG  
TGGACAGGTTCTGCCGGCACAACTACGGGGGTGTGGAGTCCTTCACGGTG  
CAGAGGAGCGGTGAGTGCCGCGGGGCGCAGCGCGGACGGACGGGCAGGCG  
CCGCGCTCTGGCGGTGCGTCCGCAGCGCTCCCCCGTGCCCCGAGTGGA  
GCCCAAGGTGAGGGTCTCGGCGCTGCAGTCGGGCTCCCTGCCGAAACCG  
ACCGTCTGGCGTGCTACGTGACGGGCTTCTACCGCCGGAGATCGAGGTG  
AAGTGGTTCCTGAACGGGCGGGAGGAGACGGAGCGCGTGGTGTCCACGGA  
CGTGATGCAGAACGGGGACTGGACGTACCAGGTGCTGGTGGTGTGGAGA  
CCGTCCCGCGGGCGGGGACAGCTACGTGTGCCGGGTGGAGCACGCCAGC  
CTGCGGCAGCCCATCAGCCAGGCGTGGGGTAAGGCCCCGGGCCCTGCC  
CGCCGCGGGGGGAGCGGGAGCGCGGCCCGGGCGCTGAGCCGCCGCCCTTC  
GTCCCCGCAGAGCCGCCGGCGGACGCGGGCAGGAGCAAGCTGCTGACGGG  
CGTGGGGGGCTTCGTGCTGGGGCTCGTCTTCTTGGCGCTGGGGCTCTTCG  
TGTTCTGCGCGGTGAGAAAGGTGAGCGCTGGGGAGGGGGGCTGCGCCGG  
GGGGGGTGGGAGCGGGGGG

FIGURE 10

SUITE 64

102/110  
H421.txt

GCTCTAGAACTAGTGGATCCCCCGGGCTGCAGGATTACCAAGTGTCCCCAA  
CTGTTT"TTGCCCAATCCAAGCCCTGCAAATGTACAAATATATTAAGTGGTT  
TCCTTACTAGACATCTTTATATCTCTCACCAATCATTTAACGTTAACCTT  
ACTCTGCTTTCTTCTGTGAACAGAAAACAAAATCGGAAGCCTCATATACA  
GGTGT"TCAGAGGAAAATAGTAAGTGGTGATGAACTTGGAGAACTTGTGA  
AGTGAAATATGGGAGCTACTGCCTCTGGAGGGAGGAAAATAAGGAACCAA  
TGAAAGATGCCAAGGTGAAGCAAATGAAGGACCAGCTGTTTGTGGCTAGA  
GCATAC"ATCCCAGTATTGCTAAAATGCCTTCTCAAAGCAAGTTGACTCG  
GGATATGAAACAGAATATCCAAGAGTTTGAGCGTATTCTTAGTGAAAGTT  
CTCAAGATGCTGACCTTCCACCACAGTAAGTTCTCTCCAGTTTGGGTTTA  
ATCATT"TTGTACTGAAAGTTTAGTTCTTACTGGAAAAGATTTTGTG  
GATTTCTAGTCACATGAATCTCTCCTAGTTTGCCTTCAGTTTGCCGGACA  
TCCCGT"TTCTAGTGGTTTTACTTGCTT

FIGURE 10  
\_\_\_\_\_  
SUITE 65

103/110

H4212.txt

TAACCATGAGTGATAAACTGCGGCCAACTTACTTCTGACAACGATCGGA  
GGACCGAAGGAGCTAACCGCTTTTTTGCACAACATGGGGGATCATGTAAC  
TCGCCTTGATCGTTGGGAACCGGAGCTGAATGAAGCCATACCAAACGACG  
AGCGTGACACCACGATGCCTGTAGCAATGGCAACAACGTTGCGCAAATA  
TTAACTGGCGAACTACTTACTCTAGCTTCCCGGCAACAATTAATAGACTG  
GATGGAGGCGGATAAAGTTGCAGGACCACTTCTGCGCTCGGCCCTTCCGG  
CTGGCTGGTTTATTGCTGATAAATCTGGAGCCGGTGAGCGTGGGTCTCGC  
GGTATCATTGCAGCACTGGGGC

FIGURE 10

---

SUITE 66



104/110

H424.txt

TCCCTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTCGGCTTAGCGTGGTCGCG  
GCCGAGGTACATACCCTGCCCCGAGTGATGTCTCCAAGGTTGATTTAAGC  
AACCAGCTCCTCCCTGCCACGGCTCCAGGCTCCACATGCCTGGGTAAAGG  
CTGGGTTTGTTTTTTGAGACAGTGTCTTAACATATGGAGCGCTGACTGTTT  
TGGAACCTCGCTCTGTAGACCAGTCTGGCCTTGAACCTCAGTGATCCCCCTG  
ACTCTGTCTCCAGAATGTGGATTCTCCCA

FIGURE 10

---

SUITE 67

105/110

H4REV.txt

GGATTCTGACACCCCTCCTCCCCACCCCCAAAGGTGTTCCAGCGCCGCA  
TGGATGGGGGCACCGACTTCTGGAGGGGGTGGGAGGAGTACGTCCATGGC  
TTCGGGAACGTTTCTGGGGAGTTCTGGCTGGGTGAGGACCCAAAACCTG  
GGAAGATTGAGGTCTGGGGTGGGGGGGGGAACACCCAGGGCGGAGAGGG  
CTGATGGCTGCAGGACGTGGAGTGGGATCCCTGACGGGGGTGTGGGGTGG  
GGGGTGTGGGGCAGGGGCCCCAGGTGGGTGTGTAGGGTGGGGATGATGAC  
GATGGCTGTGGGATGTGGCGCAGGGAATGCGGCGCTGCACACACTGACAG  
CTTCCGGGCCCCACGGAGCTGCGTGTGGACCTCTGGACGCCGTCAGACAGC  
GCCTTCGCCCCGCTATCGGGATTTCGCCGTCAGTGGTCTTGAGGACAATTT  
CCGCCTTCACCTCGGGGCCTACAGTGGCACAGCTGGTGTGTGTGGGGCAG  
TGGGAGCTCCTGGGGGATATTAGGGTTAACCTTGACCCATGAGGGGGGCT  
TTTGGGGATACCCAGATCAGGGGGGGGGGAATCCTGGGGAGAGTAGGGG  
ATGGTCCCCTTTGCCCCAGTGAAGGGGGCCTTGCCTTGACAGAGGTCTTTAA  
GATCGTTGACCTGTTGGGATCTCTTGGGGATCTCCAGACTGCAGGGAGCC  
CCGGGGGTCTTGGGGGGCTCTGCCCCACAGGGTGGTCTCTGTGAGGGTG  
TGGGGGTACCTGGGGGGTCTGCGGCTCATCCTTGGGGCTCTGAATGCTAT  
GTGGGTGTCTTGAAGGCTCTCTTAGGGGTCCCATAACCTTGCTGTGG  
GTCCACAGGGGATGCACTGTCTTACCATGCTGGGAGCCCCCTTCTCCACG  
CGGGACCACGACCCCCGAGGCCGCCCTCGGCCCTGCGCCGTGCGCTACAC  
CGGAGCCTGGTGGTACCGCAACTGCCACTACGCCAACCTCAATGGGCGCT  
ATGGGGTGCCCTACGACCACCAGGCATGGCTATGGGGGTGTAAAGGGGT  
CTGTGGGGATTGTAAAGGGGTCTATGGGGGTATAAAATCAACCCAATGGG  
ACAGGAGGGGGTCACCATGAGGCCATGGGGGTTTGTGGGGTAAATGTGG  
AGGGCTACCCCCCCCCAAGGTCCTTTTAGCCCCATGTCTCTCTGTATG  
AATATGGAGCCCTACAGGAGCTGTGGAAGCTGGAACACAAGCTGGAACAG  
GGAGGGGATACTTTGGGCCCCCTGTAAAGGCCTATATGTGTCTATAGGGT  
CACTGTAGGTTGTTTAAAGGCATGACCAAGTCCCCCTTCTTTCTGCAGG  
GCATCAACTGGTACCCCTGGAAGGGCTTTGAGTACTCCATCCCCCTTCACA  
GAGATGAAGCTGCGACCGCAGCGTGAAGTGAAGAGCACTAGAAAGGTCGTGG  
GTCGCACTGGAGCCTTTATGGGGTCAATAAAGCTGCGAGTAGCCAGTGCT  
GACCCATGTATCCACACACTGGGCTCAGGAGCTATGGGGGTGGGCAGGG  
CGTGAGGCGCACGCGGAACGGGGCACAGCGCAGCAGGTGCCAGCAGTGA  
CCCCTAAGTGGGGCAGAGCCCCATCAGACGGTGGCTCCAGGCGGAATCGC  
TGTTAGGATGTGCCCCAAAAACACAAAGAGCTCTGCCCGAGCCAGCGCCTC  
CCCCACACACGAGCGTGCCCCACAACCAAGGGCAGCAGCGCTCGCCATG  
GAGCCCCCGGCTGCAGGAACCGCTCTGTGGGGCAGAACAGAGATCAGAGT  
GGGTGTAGGGGGAGGAACCCAGCCTGGGGTTCAAAGCCCACATCTATGGG  
GTGGACCCACACATAACGGGCAGGAACCTCATCAGGACGGTCCCAAATCTT  
GGGGTCTGTGGTGCAGCAAGAGGTTTGGGATAACGATGGATCCCGCAG  
GCACTGGGATTCCCGCAATGCTGGGAAGGGACAGAATGCTGATAGGATGG  
ACTGGGAGAGCCTACAGAGGCCAAGTGGGACATACTGGGACCTGCTGAGC  
TATCCTAGAGCTTACTGGGTGCTTGATGAGTTCTACTGGGACCGACCTAC  
TGGTAGGTCCATGCTGGTCTGTAGTGGTCCACACTATTACAGACTGGTCT  
ACAATGGTTCATTCTAGTGCAAATACTGACACGAGTGGTGCACGGTTC  
TGCTCGCAGACATGTGGCCCGCACTGGTTGGTACTGATCCCCACTGGTCT  
GTATGGCCCCATAACAGCCCGTACTGGTGTACTGGCTGTACCTGGAGTG  
GCGCCGGGCACAGTGGGGCAGCGCGAGGGGCACGGGGGGTGCAGGCGGA  
GGGTCTCGGTGACAGTGGCACGGAGCAGTGGCAGTCGCCCCATATCCCCT  
GGCTTTGGGGTCCCCCTGGGGCCAGCACCTGGCGCAGCTCTGCACGTAC  
CTGGTCTGACCTGGGACAGGGGACACGTGTCAAAGCACGTACCAAGT  
GCCACATCGGGTCACTTGTGGGGTGGCCCTCCCCTGCACGGGGACACAGG  
CAGCAGCGTGACACGGAAGTGACATGAGCGTGACATTTTGGCACTGGCCA  
CAGTGCAGGGGACACAGGGGCATTATGCACACAGGGTTATGGACATGGA  
TGTGACATGCATATGGGGAGTGCAGTGGAGCTATGGGAGGGGACAGCCA  
GGACATGGGTGGGGAGGCCCAATGGGACCTGGGGAGAGGAGGTGTGGG

FIGURE 10

SUIITE 68

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 261)

TGTGACACAGATGTGATGTGGTGTACCTGGGGGTGGTGCAGCAGGAAGG  
CCACAGCCCATAGCAGAGCCACTGCCGTCGTTTCGGTGCCACCGATGAAG  
AGATCCACGAGGGCCATGTGCAGGCGGTCCCCCCCCAGCGGCCCATAGG  
GACAGTGGGGTCCCCCCCCAGCAGTGCTCCAGCACTGTGTCCCTGGGGG  
GAGACGCACAGCCCTGTGGGGACACACGTGTTACCCCTGGGGCCCTGTC  
CCCCCCTGTACCTGTGTCCCCACGTTCCCCACCTGGTGCCATCGGATCT  
GGGACTCCACAAAGGCATCGCGGCGCTCCACCAGGCGCAGCAGCTCCCGC  
AGCCCTGCGTTGGGCAGCACCTGTGGGGCACAGGGACCCCCCCCCAGTGCT  
CCACAGAGCACCCCTGGACCCATAGGGACCCCATATTCCTCCCAGCCCC  
ATATATAACCCCCCCCCAGGGCGATATAGCCCATCCTTAGTATAGACCCC  
TGCAGCCCCCATATGGACCTATACCACCTCCTCTTATGACTATATCCCGCA  
GCCCCACGCCGATCCTATATGCCCTGTAGGGCCCTGTAGGGCTCACCTT  
AGTGAAGGCAGCACATCCAGTGCCCGCACACTGGCCCGGCCCCACACCTC  
CAGCAGTTCACCACACAGCGCGTGAAGGAGCGCACCTCCGCTCGGGGG  
GCATCTGTGGGGCACAGGGCTTGGGGTCACCCAGAGAGACTCCTGAGTC  
CCCCAGAGACTCCTGAACCCAAAGAGGTACCGTGGTCATTTGGATCCCT  
CTAGAGGTGACTGGGTTCCCAAAGGGACACCTCAACACTTGTGTCCCCTT  
CAGGGGCACCTGGATATCTGGGACTCCAAGTGGCACCTGAGCATTTGGGA  
CCCACCTCCTTGGACACCTGGGTACCCCAAGGACACCTGGGACCCCTT  
CAAGTGGCACGTGGACATCTGAGCCCCCTGTAGTGGCACTTGAGTCCCC  
TGCTCCCCCAGGTGACACCCAGACCCTGCAGCCCCCTCGATATCCCCACCA  
GGTCCCCGAAGGCAAGGCGGCAGATGGTGCTGCAGGTGTGGAACGTGAAC  
GCCTCAAAGAGGTCCACTGGGGCAGCCCCATAAGAGCTCAACTCCTGTGG  
GGTGAGAAATGGGGTCACTGAGCGGGTGCGGGTGCCCCACAAGGGGGTT  
GGGGTGAGTCAAGGGGACGGGCAGCACAGCCCTGGGGCTGATGGGGTCCA  
CCTGGGGTTGGAGGGCCCTGTGTTGGGGTGCTCACCTGGCACAGCGCCCA  
GCCCTGCAGCTCCAGGAGGGGCTCCAGGTGCCTCACAGCTCGCGCCAGTG  
CTCCCCGCGTTGCCCCCGCTGCCGTGCCACTCTGGGGATGCATCCCC  
AGCGCCAGGTCTTCCCCCCCCCGCGACACCAGGGACGCTGTGGGGTGACA  
CCCATATCACCCCTGGCACCCATGTGACCTCCGAGAACCCCTCAGACAGCT  
GTACGGATCCTTGGGGACACATCCAGAATCCCCCAGGCACCCACTGGGAT  
CGCTCCAGCACCCATGGGGACTGTTAGAGATCTCCTCCCCCCCCAAAAAT  
ACAACCAGACCCCTTCAGAGATCATGGGGACCCCCCAGTACCCCTCCA  
GATACCCAACAGTGACCTATAGAGACCTCCCTCCACCCAAAAGCCATGGG  
GACCCCTCAGGCCCCCCCCCAGACACCAATTAGTACCCCCAGAACCCT  
TCAGAAACCTACAAGGACCCACCAGAACCCCTCAGATACCCATAGAGAT  
CTTTACAGACCTCCTCCTGGGACCTCCCCAGGAGCACAAATCCCAAAGA  
ACCCCTTGAAGATTACAGGGACCCCTCTGACTACCCCAAACCCT  
CATGGGGACCTCCCAACCCCTACAGCCCCCCCCATAACCAGGTAAGTGTGG  
GGGCGTCCCACGAAGTCCCCCAGCGCCGTGCCAGTGCCCTACGGATGGC  
TGCTGCAGAGCTCAGCACCAACCTCTGGGGGGGTGGGGGGGGAGGGGC  
AAAAATGAGTGAGTTGGAAGGAAGGGACCCATGGGGACCCAAAAAACC  
AGGGAGAGGGGAGAGGTGAGGGGTGCCAGAACGGAGTTGGGGGGGGGGG  
GGGAGGGATCCCAAATTATTTTGGGGGGGGGGAGTAGAATGAGAGGAC  
AAATTTGAAGGGGAGCAGAAGGAATTGGGGGACAGTATGTGGGGTTCC  
TCCATCCTCTCAATGGGTAATTCTGGGGAGCCTGTGAAGTTGAGGGTCTT  
AAAGGGGGAAGGCTCAAGGTCCCAAGGAGGAAGGGTTATGGGGAAAAGG  
GGGTAATGGTGGTCCCAAGGGGTATCAGGGGGATGGGGGGGGGGGGGGT  
CATGAAGGTGCCGCCCTACTCACCACACCCCCCAAGCGCAGGCATAAG  
GGGTCCCCGTAGGTCCGGGCAAGGATGTGGAGGTGCCGTGGCCCCCTGG  
GTGCAGGAGGTGCAGGGCCCCCCCCACGGTGCTCCCCCCCCGCTGGCTG  
ACCCCCCCCAGATCAGAGCCAGGAGAAGTAGCAGCAGAAGTATCGTCACC  
GCCATTGTTCTGTGGGGTGGGGGGCCCCAGCTCTGCCCTATAACACCTT  
ATGAGGAGGAGGTACCCAAAAGCTCCACCCCCCACATCCAAACCCCTC  
CTACCAGAAGAGGGGATTGGGTTCACTCCCTAAAATTATTGTGTGCC

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

FIGURE 10

SUITE 69

107/110  
H4REV.txt

ACCCCCCTCTTCAAGTCATTATAAACTTTACAGGGGTGTCTCATAAAAA  
TACAGGAGTGTGTCCCCCACAAAGTGCTCCCAGAACCATCGGGTGCCCA  
TCCCACAAGAAAATCTCTCAAACCTCCCATTTGTGTGCCCCCAACCAACAA  
AGATTCCTCAAACCTCCCCCCCCCGCCCTCTACCCATATATCCTCCCAAGC  
GCTCCCCACCCCTCCGCACACCACCTCCCCAAATCCTCCCCCATTACCAT  
AATCCCCCCCCACCCAGCAGCAGAACCCCATCACCGCTCTGTGCGTCTGT  
GTGTGTGAGTAGGGGACGGGGTGTATTGAGGGGAGGGGGGAGGGGGGA  
GAGCGCTCAGAACCCCTCCCCCTGCAGCCCCCGCAGGCGCGTGCCAGCT  
GCAGGTCTTTGGGGTACAGTGTGACGCGGCGCGCATGCAGCGAGCACAGG  
TAGGCGTCTCTCAGCAGGTGCACCAGGAATGCCTCCGCCGCCTGTGGGAC  
CCCGGCGTGGGCGTCCCCACAAAGCAGGGGGGGAGTCAATTCCCACCCCC  
AGGCCACCCACAAATGCCAATCCTCCAAAATAATCCCTGGAACAACCCC  
AAAAAAACCCCTACCCCAACCCCTCCCCAAAACCATAACCTCAATAA  
CTCCACACCTCAAAAACCTCCAACCCCTCCAAAACAACCCCAACCCCGA  
AACACCTCACCCCAAGAGCCCTTCCCAAGCCCCAAGAGACCCCAAGG  
CACAAGGGGTACCCCAAAATCCACTTCCCCCTTCCCCCAAAAAGCCCTT  
TTGGGCACTAGAGAGCTCCCCAGCACCAACCCAAAGGGTCCCCACGGTAT  
GGGGTACCCTAAAACACCCCCCAACCCAAACCACGGGAACTTCCAAAAC  
AAAGCTACCCCTCCCCCCCCCCCCAAAAAATAAACCCATAGGGCCCC  
CCACCTCCTGTAGGGCCAATAGGGCCATAGCCTGCCACCTGTAGTCCACG  
CCCCGTGTGAAGAGCAAGCAGATCTCCCGCACCTGGGGGGGGACAGGGGG  
GCATGGGGACACTGGGGGGACATGGGGGGGGGGGGGGAGGGGGGGGGGG  
GGGAGGGGGCATGAGGACATTGAGGAGAGGGGAACACGAGGGTGGCACTGCA  
TCATGGGAGGTGACGAGGGGGTGGGGGGGGCTCAAGGACATGGAGGGGGA  
CACTCA

FIGURE 10

SUIITE 70

108/110  
H6FOR.txt

TTGCTGCCTGCAGGTCGATCTAGTGGATCCGCCGCGACAGCGAACAGGCC  
AGCCAGCTGGTGCAGTATCTTTCCACTTTTTTCCGCAAAAACCTTAAAGCG  
GCCTTCGGAGTTTGTTACTCTCGCCGACGAAATTGAACATGTGAATGCTT  
ATCTGCAAATTGAAAAGGCGCGCTTCCAGTCGCGGTTGCAGGTCAACATT  
GCTATTCGCAAGAATTATCCCAGCAGCAATTGCCC GCGTTTACCCTGCA  
ACCC

FIGURE 10

SUITE 71

109/110

Conti205.txt

[illegible]

**FIGURE 10**

SUITE 72

FEUILLE DE REMPLACEMENT (RÈGLE 26)

110/110

Conti205.txt

CATCCCACCCCTACAAGTTCAACCTTTACGGGGTGTGGGGGCAGACACGT  
CTGGGCCCCATCTCCACTGACACCATCACAGGTGAGGGCCCCTGCCTGCT  
GCTGTGCTCTGGGCCTTGTGCTTGGCACGTGGCAGGAGCTGTGCGATGGG  
CTGTGCTGGTGGCGGGGATCTGACTGGAAATGGAAACGTTCTGTGGCAAA  
GAGTGGGAATGTAGGAAGGGGGTGGGAGCATGCAGGGTTGGTGGAGCAGG  
GGGTAGTGATCAGTGGTGAGGATTTGGTTTCTTGGTCTGAAATATGGATG  
GAAGCTTTGTTGGGAGAGTGAATGACTTTTCAGTGAGGACAGGTGGATGC  
TTGGGTGAATGCTTGGTAAGTTGTTGAACGCCTGGATAGTTGGATGGGTG  
GACATGAACTTTGTATTACAGCTGCAGCTCCAGCACAGAAGGAACCGCCA  
TCCCAACCACGCCTGGGTGAGCTGACGGCCTCCCACGTGACCCCCGACTC  
CGTCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTTGACTCCTTCACGG  
TGCAGTACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGGCCGTGGACGGT  
GGTTTGCGCACAGTGACCGTGCCCGGGGCTGTCGCCGTCCCGCCGCTACAA  
GTTCAACCTGTATGGGGTGTGGGGGCGGAAGCGTCTGGGGCCCCATGTCCA  
CTGATGCTGTACAGGTGAGCATGCTGTTGTGCTGCATCCATGTCTTTTG  
GCTGACGGTTGTGTTGGCATATGGTAGGAACCTTTCAGGCCCCACTCCTGG  
TTACTGTGGTCTTAATAGAGAGGGAAGTTCTTTCCTGTTCTTGACGTGGG  
TAGCCTGGAGAGATGGGAGTATGGAAGATGAGAGGAAGAACGGAATAAGG  
AATGATTGATAATTATTGCAGAACGGATGGAAGGGAGGATGGATGGGCGG  
TGCATGGGTACATTGGTGCTTATAGCAGAGCTGGACGGCTGGTTGTACGT  
TGGTTTGGTTGTTGAAGAGATGAAGAGTTGGATGGGCGTGTGCTTTCCT  
GTGAATTCCTCCCCCTGTCTTGCAGCTCCGGCACAGAAGGAACACCTTC  
CCAGCCACTCTTGGGTGAGCTGACAGCGTCCCACGTGCGCCCCGACTCCG  
TCCAGCTGGAATGGAGCGTCCCCGAGGGCTCCTTTGACTCCTTCACGGTG  
CAGTACAAGGATGCACAAGGCCAGCCACAGGTGGTGGCCGTGGACGGTGG  
GTTGCGCACAGTGACCGTGCCCGGGCTGTCGCCGTCCCGCCGCTACAAGT  
TCAACCTGTATGGGGTGTGGGGGCGGAAGCGTCTGGGGCCCCATGTCCACT  
GATGCTGTACAGGTGAGGGCAGGAATTGGCACCTGGTGGGCTCTGGGTT  
TGCAGCAGGTAGAAATGTAAACGTGGCCTGCGCTGGGGATCTTGTTTTCC  
CCTGGCAATGGGAACAGCTGTTGGGTGCCTTTTTTTGGGAAGGATCCCTTA  
ATCGCAGCATGAAGTATGAATGGACCAATTGGGTGTGGGTGGAGTGATGG  
CTGTTGAGATGAGTTGGTGGCTGCTTGAGTAATTGTCTGTTGGAATGGAT  
GGACAGATATGTGAAGGAGTGAAAGGATGGATAAAGTAATTTAGGAATCG  
GTGGATGAAGAATGGGTAGGTAGACCCTTGGTGAAGTGGTAGAATGGAAG  
GATTTATGAACAGATATGAGTTAATTCTTGATCGAAGTAGGTGTAAGTG  
TCTATTAGCCTGTTGCACTGAACATGCAGTTGCATAGACAAATGAGTGGG  
GAGAAGTACGGAGTAAATCCCTGCATGAATGGTAGGACAGAAACCTGAAT  
GCCTGGATGCTGGCAGTGTGAAGAATGGCACTTGGGATAGATGGTTCGAG  
TATGGGGTAGATTAAAAGATGGATGGAAAAGAGGAACAGAGAGAGGGTGA  
TTGGATGAATGGATGGATGGTTGGATGTGACTGATTGACAGGTACCAAGC  
TTTTTTCCTGCACTGTGCCTTCTGTGCTGCAGGACTATGGTCATAGCTGT  
TTCCTGTGTGAAATTGTTATCCGCTCACAATTCACACAACATCGA

FIGURE 10

SUIITE 73

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 98/02501

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>GUILLEMOT F. ET AL.,: "Physical linkage of a guanine nucleotide-binding protein-related gene to the chicken major histocompatibility complex"</p> <p>PROC. NATL. ACAD. SCI. USA, vol. 86, - June 1989 pages 4594-4598, XP002074404</p> <p>See the whole document , esp. discussion</p> <p style="text-align: center;">--- -/--</p>	1



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

20 April 1999

Date of mailing of the international search report

03/05/1999

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 65t epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Müller, F



## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 98/02501

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>GUILLEMOT F. ET AL.,: "A molecular map of the chicken major histocompatibility complex: the class II beta genes are closely linked to the class I genes and the nucleolar organizer"</p> <p>THE EMBO JOURNAL, vol. 7, no. 9, - 1988 pages 2775-2785, XP002074405</p> <p>See the whole document , esp. figure 1 et page 2783, 2. colonne</p> <p>---</p>	1
Y	<p>MILLER M. M. ET AL.,: "Regions of homology shared by Rftp-Y and major histocompatibility B complex genes"</p> <p>IMMUNOGENETICS, vol. 39, - 1994 pages 71-73, XP002074406</p> <p>see the whole document</p> <p>---</p>	1-10
Y	<p>WAKENELL P. S. ET AL.,: "Association between the Rfp-Y haplotype and the incidence of Marek's disease in chicken"</p> <p>IMMUNOGENETICS, vol. 44, - 1996 pages 242-245, XP002074407</p> <p>see the whole document</p> <p>---</p>	1-10
X	<p>BERNOT A. ET AL.,: "Linkage of a new member of the lectin supergene family to chicken MHC genes"</p> <p>IMMUNOGENETICS, vol. 39, - 1994 pages 221-229, XP002100550</p> <p>See the whole document , esp. p.221, col. 1; p.222 col.1</p> <p>---</p>	7-10
X	<p>ZOOROB R. ET AL.,: "Chicken major histocompatibility complex class II B genes: analysis of interallelic and interlocus sequence variance"</p> <p>EUR. J. IMMUNOL., vol. 23, - 1993 pages 1139-1145, XP002074408</p> <p>see the whole document</p> <p>---</p>	7-10
A	<p>VALLEJO R.L. ET AL.,: "Non-association between Rfp-Y major histocompatibility complex-like genes and susceptibility to Marek's disease virus induced tumours in 6.3x7.2 intercross chickens"</p> <p>ANIMAL GENETICS, vol. 28, - 5 October 1997 pages 331-337, XP002074409</p> <p>see the whole document</p> <p>---</p> <p style="text-align: center;">-/--</p>	

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 98/02501

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>KAUFMAN J. ET AL.,: "Different features of the MHC class I heterodimer have evolved at different rates"</p> <p>J. IMMUNOLOGY, vol. 148, - 1 March 1992 pages 1532-1546, XP002074410 see the whole document -----</p>	

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Deman internationale No  
PCT/FR 98/02501

<b>A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE</b> CIB 6 C12Q1/68		
Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB		
<b>B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE</b> Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement) CIB 6 C12Q		
Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche		
Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)		
<b>C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS</b>		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	GUILLEMOT F. ET AL.,: "Physical linkage of a guanine nucleotide-binding protein-related gene to the chicken major histocompatibility complex" PROC. NATL. ACAD. SCI. USA, vol. 86, - juin 1989 pages 4594-4598, XP002074404 le document en entier, esp. discussion --- -/--	1
<input checked="" type="checkbox"/> Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents <input type="checkbox"/> Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe		
* Catégories spéciales de documents cités:		
"A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée) "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée "T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention "X" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément "Y" document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier "&" document qui fait partie de la même famille de brevets		
Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée  20 avril 1999		Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale  03/05/1999
Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Fonctionnaire autorisé  Müller, F

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No

PCT/FR 98/02501

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>GUILLEMOT F. ET AL.,: "A molecular map of the chicken major histocompatibility complex: the class II beta genes are closely linked to the class I genes and the nucleolar organizer"</p> <p>THE EMBO JOURNAL, vol. 7, no. 9, - 1988 pages 2775-2785, XP002074405</p> <p>le document en entier, esp. figure 1 et page 2783, 2. colonne</p>	1
Y	<p>MILLER M. M. ET AL.,: "Regions of homology shared by Rftp-Y and major histocompatibility B complex genes"</p> <p>IMMUNOGENETICS, vol. 39, - 1994 pages 71-73, XP002074406</p> <p>voir le document en entier</p>	1-10
Y	<p>WAKENELL P. S. ET AL.,: "Association between the Rfp-Y haplotype and the incidence of Marek's disease in chicken"</p> <p>IMMUNOGENETICS, vol. 44, - 1996 pages 242-245, XP002074407</p> <p>voir le document en entier</p>	1-10
X	<p>BERNOT A. ET AL.,: "Linkage of a new member of the lectin supergene family to chicken MHC genes"</p> <p>IMMUNOGENETICS, vol. 39, - 1994 pages 221-229, XP002100550</p> <p>voir le doc. en entier, esp. p.221, col. 1; p.222 col.1</p>	7-10
X	<p>ZOOROB R. ET AL.,: "Chicken major histocompatibility complex class II B genes: analysis of interallelic and interlocus sequence variance"</p> <p>EUR. J. IMMUNOL., vol. 23, - 1993 pages 1139-1145, XP002074408</p> <p>voir le document en entier</p>	7-10
A	<p>VALLEJO R.L. ET AL.,: "Non-association between Rfp-Y major histocompatibility complex-like genes and susceptibility to Marek's disease virus induced tumours in 6.3x7.2 intercross chickens"</p> <p>ANIMAL GENETICS, vol. 28, - 5 octobre 1997 pages 331-337, XP002074409</p> <p>voir le document en entier</p>	

-/--

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No

PCT/FR 98/02501

## C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	<p>KAUFMAN J. ET AL.,: "Different features of the MHC class I heterodimer have evolved at different rates"</p> <p>J. IMMUNOLOGY, vol. 148, - 1 mars 1992 pages 1532-1546, XP002074410 voir le document en entier</p> <p>-----</p>	